

1/74

Fig. 1A

SEQ ID	NO		1	50
208	HCV-1	1a	ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAAAAAAAACAAACGTAACACCAACCG	
209	HCV-J	1b	-----A-----G-----C-----	
210	HCG9	1c	-----G-----C-----	
1	BNL1	1d	-----G-----C-----	
5	BNL2	1d	-----G-----C-----	
9	CAM1078	1e	-----G-----C-----A-A-----	
11	FR2	1f	-----G-----C-----C-----	
211	HC-J6	2a	-----A-----G-----C-----A-A-----	
212	HC-J8	2b	-----A-----G-----C-----A-A-----A-----	
213	S83	2c	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
214	NE92	2d	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
17	FR4	2f	-----A-----G-----CT-----A-A-----T-----	
13	BNL3	2e	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
21	BNL5	2h	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
215	NZL1	3a	-----ACT-----G-----C-----A-A-----T-----	
216	HCV-TR	3b	-----ACT-----G-C-----C-----A-A-----ACT-----	
217	NE48	3c	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----	
218	NE274	3d	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----	
219	NE145	3e	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----GT-----	
220	NE125	3f	-----ATT-----G-C-----CC-----A-A-----ACC-----	
221	Z4	4a	-----G-----C-----	
222	Z1	4b	-----A-----G-----C-----	
223	GB358	4c	-----G-----C-----	
224	DK13	4d	-----G-----C-----	
225	GB809	4e	-----T-----G-----C-----	
27	BNL7	4k	-----G-----C-----	
226	BE95	5a	-----G-----C-----A-A-----	
227	HK2	6a	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----	
228	FR1	9a	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----T-----	
43	VN4	7c	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----	
45	VN13	7a	-----ACT-----G-----C-----A-----	
47	VN12	7d	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----A-----	
49	NE98	10a	-----ACT-----A-----G-----C-----A-A-----N	

2/74

Fig. 1B

SEQ ID		51	100
NO			
208	HCV-1	1a	TCGCCCACAGGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAG
209	HCV-J	1b	C-----T-----C--T-----
210	HC-G9	1c	C-----T-----C-----C-----
1	BNL1	1d	C-----T--K-GS--NNNNNNN-----
5	BNL2	1d	C-----N-----T-----
9	CAM1078	1e	C-----C--T--C-----
11	FR2	1f	C-----T--A-----G--G-----G-----
211	HC-J6	2a	-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----
212	HC-J8	2b	C-----T-----C-----C-----
213	S83	2c	C-----C--T--C-----C-----
214	NE92	2d	C-----C--T--C-----C-----
17	FR4	2f	-----T-----C-----C-----C-----
13	BNL3	2e	C-----C-----C-----C-----
21	BNL5	2h	C-----T-----C--T--C-----C-----
215	NZL1	3a	-----A-----
216	HCV-TR	3b	-----A-----T-----C-----A-----
217	NE48	3c	-----C-----
218	NE274	3d	-----T-----C-----C-----
219	NE145	3e	-----G--A-----T-----C-----C-----
220	NE125	3f	C-----C--T--G-----
221	Z4	4a	C-----CAT-----A-----T--C-----C-----
222	Z1	4b	-----CAT--T--G--A-----C-----C-----C-----
223	GB358	4c	C-----CAT-----T-----C--T--C-----C-----
224	DK13	4d	C-----AT-----T-----C-----C-----
225	GB809	4e	C-----CAT-----T-----T--C-----C-----
27	BNL7	4k	C-----CAT-----T-----T--C-----C-----
226	BE95	5a	-----C--T-----C-----
227	HK2	6a	-----AC-----C-----
228	FR1	9a	-----TAT-----C-----C-----
43	VN4	7c	C-----C-----
45	VN13	v	-----
47	VN12	7d	-----AT--T-----C-----
49	NE98	10a	C--G-----T-----A--C-----

3/74

Fig. 1C

SEQ ID	NO	101	150
208	HCV-1	1a TTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCGACGAGA	
209	HCV-J	1b -----C-----C-G-----T--G	
210	HC-G9	1c -----C-----C-G-----G	
1	BNL1	1d -----C-----C-GNN-----T--G	
5	BNL2	1d -----C-----C-G-----C--G	
9	CAM1078	1e -C--G--C-A-----AG--C-G	
11	FR2	1f -----C-G-----G	
211	HC-J6	2a -A-----C-G-----A--G	
212	HC-J8	2b -----C-----C-G-----A--G	
213	S83	2c -A-----C-----G-----G	
214	NE92	2d -A-----CC-G-----G	
17	FR4	2f -----C-G-----C-A--G	
13	BNL3	2e -----C-----	
21	BNL5	2h -A-----CC-G-----G	
215	NZL1	3a -A--G-----AC-----C-T	
216	HCV-TR	3b -A--TG--C-----T-----AC-----AGTAC-T	
217	NE48	3c -A--G-----CT-----T--AC-T	
218	NE274	3d -C-----AC-----A-----AGTTC-T	
219	NE145	3e -A-----AC-----A--TC-T	
220	NE125	3f -A--G-A-----AC-----AGT-C-T	
221	Z4	4a -----C-G-----TC--	
222	Z1	4b -----C-----CC-G-----AG-TC-G	
223	GB358	4c -----C-G-----T--G	
224	DK13	4d -----T--G	
225	GB809	4e -----G-----TC-G	
27	BNL7	4k -----C-G-----TC-G	
226	BE95	5a -----GA-----TC-G	
227	HK2	6a -----CC-G-----	
228	FR1	9a -----C-T-----	
43	VN4	7c -C-----C-----GC-C-----	
45	VN13	7a -----C-T-----G	
47	VN12	7d -C-----A-----AC-T-----G	
49	NE98	10a -----G--C-A--A-----CCAG-----T--AGT-C-C	

4/74

Fig. 1D

SEQ ID		151	200
NO			
208	HCV-1	1a	AAGACTTCCGAGCGGTCGCAACCTCGAGGTAGACGTCAGCCTATCCCCAA
209	HCV-J	1b	-----T--A--G--A--A-----
210	HC-G9	1c	-----C--G--G-----T-----
1	BNL1	1d	-----A-----T--C--G--A-----
5	BNL2	1d	-----G-----T-AC--G--A-----T--T--
9	CAM1078	1e	-----G-----T--G--G--C--A-----T-----
11	FR2	1f	-----C--A--G--A-----
211	HC-J6	2a	-----G-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--
212	HC-J8	2b	-----T-----A--C--G--G--T--AC-----C-----C-----G--
213	S83	2c	--A-----A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--
214	NE92	2d	--A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----
17	FR4	2f	-----T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----A--
13	BNL3	2e	-----T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--
21	BNL5	2h	--A-----A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--
215	NZL1	3a	--A-----T--A-----A--G-----C--AC-----A-----
216	HCV-TR	3b	-----G-----CAAACAG-----C-T-----
217	NE48	3c	-----A--G-----C--CGC--G--G-----
218	NE274	3d	--A-----AG-----C--CAACC--G--G-----
219	NE145	3e	-----A-----A-----C--C--AC--G--A-----T-----
220	NE125	3f	--AT-----C--AC--G--G-----
221	Z4	4a	-----G-----T--C--G-----A-----
222	Z1	4b	-----G-----A-----T--C--G-----
223	GB358	4c	-----G-----T--G-----
224	DK13	4d	-----G-----T--G--G--C-----
225	GB809	4e	-----G-----T--G--G--C--A-----
27	BNL7	4k	-----G-----T--G-----C--A-----
226	BE95	5a	-----G--A-----C--T--AC--G-----T-----
227	HK2	6a	-----A--C--G--CA-----C--G--C--A-----A--A--
228	FR1	9a	-----C-----A-----C--G--A-----C--G--C-----C--A--A--
43	VN4	7c	-----T--A-----C--G--CA-----G--C--A--A--A-----
45	VN13	7a	--A-----T--A-----C--G--CA--G-----C--A-----A--G--
47	VN12	7d	-----G--A-----C--GG--CA-----G--C--A--A--A-----
49	NE98	10a	-----CA-----G--C--A--C-----G

5/74

Fig. 1E

SEQ ID		201	250
NO			
208	HCV-1	1a	GGCTCGTCGGCCCCGAGGGCAGGACCTGGGCTCAGCCCCGGGTACCCCTTGGC
209	HCV-J	1b	-----C-----T-----
210	HC-G9	1c	---C--C--A-----A--T-----G-----
1	BNL1	1d	-----Y--Y-----T-----T-----
5	BNL2	1d	-----C-A-T-----T-----NN-----A--C-T--C-----
9	CAM1078	1e	--AG--C--A-----T-----
11	FR2	1f	-----C--A-----T-----T-----A-----
211	HC-J6	2a	--A---G--CT--ACT---AAT-----GAA-A--A--A-----C-----
212	HC-J8	2b	A-A---G--CT--ACC---A-T-----GAA---A--A--T-----
213	S83	2c	A-A---G--CA--ACT---A-T-----GAAG---A--A-----
214	NE92	2d	A-A---G--C--ACT---A-T-----GAA-A--A--A-----
17	FR4	2f	A-A---G--CG--ACT---A-T-----GA-GT--A--A-----
13	BNL3	2e	A-A---GN-NG--ACT---T-----GA-GT--A--A--T--C-----
21	BNL5	2h	A-A---G--CT--ACT---AAT-----GA-GT--A--A-----
215	NZL1	3a	---G-----AG--A--C--T-----
216	HCV-TR	3b	-----CTC--G-----C--T-----
217	NE48	3c	---G-----TGG-----AC--T-----G-----
218	NE274	3d	---A-----AG-----C--T-----T-----
219	NE145	3e	---A--C-C-AG--GA--AC--T-----G-----T-----C-----
220	NE125	3f	---A--C--AAG-----C--T-----C-----T-----
221	Z4	4a	---G--C-A---A-----AT-----G-----
222	Z1	4b	---G--C---T-----T-----
223	GB358	4c	---A-----AT-T-----A--T-----A-----
224	DK13	4d	---G--C-AA-T-----T-----T-----T-----T-----
225	GB809	4e	---G--C--AT-----AT-----G-----T-----
27	BNL7	4k	---G-----AT-----A--T-----A-----A--A--T--A-----
226	BE95	5a	---G--C-A---AC---C--T-----G--A-----
227	HK2	6a	---G--C-A---C-----CA-----A-----
228	FR1	9a	--TA--C-A---GACA---C-T-G---G---A-----C-----
43	VN4	7c	A-TG--C-AC-AAAC---C-T-----C-----C-----
45	VN13	7a	--TG---AC-AAAC---C-T-----A-----C-----
47	VN12	7d	--TG--C-A-AA-C-A---C-A-----T-----C-----
49	NE98	10a	---G--C--AA-----T-----

6/74

Fig. 1F

SEQ ID	NO	251	300
208	HCV-1	1a	CCCTCTATGGCAATGAGGGCTGCGGGTGGGCGGGATGGCTCCTGTCTCCC
209	HCV-J	1b	-----C-----TATG-----A-----A---
210	HC-G9	1c	-----C-----T-----C-----C---
1	BNL1	1d	-----N-----C---
5	BNL2	1d	-----A-----C---
11	FR2	1f	-----CT--C-----A-----C--T
211	HC-J6	2a	---A--C--G-----ACT---C---A-----C---
212	HC-J8	2b	---G--C--A--C-----T---C-----T-----C---
213	S83	2c	---G-----G-----CT---C---A--G-----C---
214	NE92	2d	---G--C--G-----CT---C---A--G-----C---
17	FR4	2f	---G--C--G--C-----CT---C---A--G-----C---
13	BNL3	2e	---G-----G--C-----GCT---C---A-----C---
21	BNL5	2h	---G-----G--C-----CTT--T---A-----T---C--T
215	NZL1	3a	-----T--C-----A--G-----C--A
216	HCV-TR	3b	-----C--G--A-----T---T---A-----T---C---
217	NE48	3c	-----C--T-----C-----C---
218	NE274	3d	-T--T-----T-----A-----T---C---
219	NE145	3e	-----T--C-----A--G-----T-----T
220	NE125	3f	-----G-----T-----A-----
221	Z4	4a	-----A--G-----T
222	Z1	4b	---T--C-----T-----A--G-----C---
223	GB358	4c	-T--T--C--T-----T-----A--T
224	DK13	4d	---T--C-----A---
225	GB809	4e	---T--C-----T-----A--G-----C--T
27	BNL7	4k	-T--T--C--T-----T-----ANN-----T---C---
226	BE95	5a	---T--C--C-----CT-----A--G---G--C--C--T
227	HK2	6a	-T--T-----A--C-----T-----A--T-----C---
228	FR1	9a	---T-----C-----A-----C---
43	VN4	7c	-T--T-----A-----T--T-----A--C-----C---
45	VN13	7a	-T--T-----G-----T--T--C-----A--G-----C---
47	VN12	7d	---T-----G--C-----C-----G-----T---C---
49	NE98	10a	---A-----G-----A--G-----C--G

7/74

Fig. 1G

SEQ ID	NO		301	350
208	HCV-1	1a	CGTGGCTCTCGGCCTAGCTGGGGCCCCACAGACCCCGGCGTAGGTCGCG	
209	HCV-J	1b	-----T-----	
210	HC-G9	1c	--C-----T-----TT-T-----G-----A--	
1	BNL1	1d	--C-----	
5	BNL2	1d	--C-----	
11	FR2	1f	--C-----C--T-----AT-----A-----A--A--	
211	HC-J6	2a	--A--T--C--T--CTCT-----AT-----A-----C--	
212	HC-J8	2b	--C--G-----T-----CT-----C-----A--A--A--	
213	S83	2c	--C--T-----C--TCA-----C-----A--AA-----	
214	NE92	2d	--A--G-----C--GTCA-----A--T-----AC-----A--	
17	FR4	2f	--G-----C--CTCG-----A-AC-----AC-----A--	
13	BNL3	2e	--A-----	
21	BNL5	2h	--A-----	
215	NZL1	3a	--C-----C--T--ATC-----A-AT-----G-----C--	
216	HCV-TR	3b	-----T-----C-----T-----A-AT-----A--C--	
217	NE48	3c	--C--T-----G-----A-AT-----A--A--C--	
218	NE274	3d	--C-----ATCT-----AT-----A-----T--	
219	NE145	3e	--C-----C--A--G--T-----AC-----A-----C--	
220	NE125	3f	-----C--C-----T-----A-AT-----A--A--	
221	Z4	4a	--C-----ATCT-----A-AT--T-----G--A-----	
222	Z1	4b	--C--T--CA-----GTCT-----AT--T-----C--	
223	GB358	4c	-----A--GTCT-----A-AT--T-----A-----C--	
224	DK13	4d	-----GTCT-----G-AT--T-----G-----C--	
225	GB809	4e	--C--G-----GTCT-----T-AT--T-----G-----C--	
27	BNL7	4k	--C--T----	
226	BE95	5a	--A-----AT-----AT-----A-AA-----	
227	HK2	6a	--C-----C-----ACAT-----AT-----C-A--C--	
228	FR1	9a	--C--G-----T----AT-----AC-----A-----C--	
43	VN4	7c	--C-----C--A-AT-----A-AC-----G-----C--	
45	VN13	7a	-NC-----C----AT-----T-AT-----N-G-----C--	
47	VN12	7d	-----C--GGA-----N----AT-----N-G-----C--	
49	NE98	10a	--C-----	

8/74

Fig. 1H

SEQ ID		351	400
NO			
208	HCV-1	1a	CAATTTGGGTAAGGTCATCGATACCCCTTACGTGCGGGCTTCGCCGACCTCA
209	HCV-J	1b	T-----A-----
210	HC-G9	1c	-----C-----T-----
11	FR2	1f	-----A-----T-----T-----
211	HC-J6	2a	---CG-----A-----T-----
212	HC-J8	2b	-----C-GA-----A-----T--T--T-----
213	S83	2c	---C-----A-----T--T-----
214	NE92	2d	---C-----T-----T-----
17	FR4	2f	---C-----C-----T-----T-S-----
15	BNL3	2e	-----N-NT-----
215	NZL1	3a	-----A-----A-----A-----
216	HCV-TR	3b	---C--T-----A-----T--A-----
217	NE48	3c	-----A-----G-----
218	NE274	3d	---CC-----A-----A-----A-----T-----
219	NE145	3e	-----C--T--C--A-----G-----T-----
220	NE125	3f	---C-----C-----T--A-----T-----
221	Z4	4a	---C-----G-----
222	Z1	4b	T---C-----A-----G-----T-----
223	GB358	4c	---C-----A--C-----T-----
224	DK13	4d	---C-----A--T-----
225	GB809	4e	---CC-----A--A-----
226	BE95	5a	T-----A-----A-----T-----
227	HK2	6a	G-----A-----T--G-----T-----
228	FR1	9a	---C-----A-N---NC-A-----
43	VN4	7c	---C-----A-----C-----T-----
45	VN13	7a	---CC-----T--N--S-----
47	VN12	7d	---CC-----C-----C--T-----

9/74

Fig. 11

SEQ ID			401	450
NO				
208	HCV-1	1a	TGGGGTACATACCGCTCGTTCGGCGCCCCCTCTTGGAGGCGCTGCCAGGGCC	
209	HCV-J	1b	-----T-----T-----C--A--G-----	
210	HC-G9	1c	-----C-----T-----A--G-----A--T	
11	FR2	1f	-----T-----C--A--G-----T---AA--	
211	HC-J6	2a	-----C--TG---A-----G--C--C---TC-----A--T	
212	HC-J8	2b	-----C--TG---T-----GG-----TC-----A--T	
213	S83	2c	-----CG-----T---CG---C---T---A---	
214	NE92	2d	-----C--TG-----AG---T--T--TC-----A--T	
17	FR4	2f	-----TG-----G--G--C---T---A---	
15	BNL3	2e	-----N--CG-T-----GG-G--C--G--TN-----	
215	NZL1	3a	-----C-----T---G-A-----TC--A--A---	
216	HCV-TR	3b	-----T-----G-G--G---TC--A--A---	
217	NE48	3c	-----T-----CG-G--G---T---A---	
218	NE274	3d	-----T-----T---G-A--G---TC--A--A--T	
219	NE145	3e	-----T--T-----T--GG-A-----TC--G-----	
220	NE125	3f	-----T-----T--T---CG-A--G---TC--A-----	
221	Z4	4a	----A----C---A---G-----CG-G--G---TC-----T	
222	Z1	4b	----A----T-----A-----G-G--T---TC-----	
223	GB358	4c	----A----C-----A-----CG-G--T---TC-----	
224	DK13	4d	----A----C---G---A-----CG-G--T---TC-----A---	
225	GB809	4e	----A----C-----T--A-----CG-G--T---TC-----A---	
226	BE95	5a	-----T--C-----A---G---CA---G---TC--A-----T	
227	HK2	6a	-----T--CG---G---G---T-G--C---TC--GGCT--G	
228	FR1	9a	-----C--TG--C-A--A--GG--G-----C---T---GGCT---	
43	VN4	7c	-----T--C--TG---A-----T--GW-G-----TC--GGN----	
45	VN13	7a	-A-A-----T--	
47	VN12	7d	---A-----C--TG---T-----C-----T---GGC--AA	

10/74

Fig. 1J

SEQ ID	NO	451	500
208	HCV-1	1a	CTGGCGCATGGCGTCCGGGTCTGGAAGACGGCGTGAACATATGCAACAGG
209	HCV-J	1b	-----A-----T-----G-----
210	HC-G9	1c	-----A-----T--TA-A--C-----T--C-----
3	BNL1	1d	-----
7	BNL2	1d	-----
11	FR2	1f	---N-A-----T-----C---N--G-----TNNNNNNNNNNNN
211	HC-J6	2a	--C-----GA-A--C---G---G--T--T-T-----
212	HC-J8	2b	-----A--C--T--TA--C---G---GA-A--T--C-----
213	S83	2c	--C--C---G--GA-----G---GA-A--T-----G--
214	NE92	2d	--C-----GA-A-----GA-A-----
15	BNL3	2e	--C--N-----G---C---G---GA-A--T---N-----
17	FR4	2f	--C-----G---C---G---GA-A--T-----
19	BNL4	2g	-----G--A--T-----
23	BNL5	2h	-----GA-A-----C-----
25	BNL6	2i	-----GA-A-----
215	NZL1	3a	--C-----GA--CC--T-----GA-A--T-TC-----
216	HCV-TR	3b	--C--T-----T--GA--CA--T-GG---A-----
217	NE48	3c	--C-----GA--C---T--G---GA-T---TC-----
218	NE274	3d	--C--A-----T--GA-A-CC--T--G---AA-A--T-TC-----
219	NE145	3e	--C--A--C--G--AA--C--C--G---AA-A--T-T-----
220	NE125	3f	--A--A-----T--GA--C---T--G---AA-A--T-----
221	Z4	4a	-----A--C-G---G---GA-T-----
222	Z1	4b	-----A--CCG---G---AA-T---C-----
223	GB358	4c	-----A--C--T--TA--C--G---G---GA-C--T---G-----
224	DK13	4d	-----A--C-----G---G--C--T-----
225	GB809	4e	-----A--C--T--TA--C-G-----GA-C---C-----
29	BNL7	4k	-----GA-C--T-T-----
31	BNL8	4k	-----GA-C--T-----
33	BNL9	4k	-----GA-T--T-----
35	BNL10	4k	-----GA-C--T-----
37	BNL11	4k	-----GA-T--T-----
39	BNL12	4l	-----GA-C--T-----
226	BE95	5a	--C--A--C--T--GA---C--T--G---G--A-----
227	HK2	6a	--C--A-----GA---CAA-C--G---GA-C--T-----
228	FR1	9a	-----TA---CAA-C--G---G--C--T--C-----
43	VN4	7c	T-----G---AN--NCA-C--G---N--A--T--C-----N
47	VN12	7d	----NA-----T--A---CCA-C--G---GA-A-----
51	NE98	10a	-----AA-T--T-TC-----

11/74

Fig. 1K

SEQ ID	NO	501	550
208	HCV-1	1a	GAACCTTCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTTCTGGCCCTGCTCTCTT
209	HCV-J	1b	---T--G--C-----CT-A--TT---G---
210	HC-G9	1c	-----C--C-----T-----T-G--C--T--T--A--C-
3	BNL1	1d	---T-G--C-----CT---TT---G--C-
7	BNL2	1d	---TT-G-----CT-A--TT-T--G--C-
11	FR2	1f	N-----N-----NN-----CT---NT-A-----
211	HC-J6	2a	---T-A--C-----C--T-----T-G-----G--C-
212	HC-J8	2b	---TT-A--C-----T-----TT-G--T--T--T--G--A-
213	S83	2c	---TT-G--C-----T--CT-----CT-G---
214	NE92	2d	---T-G--C-----C--T-----T-AT-----A---
15	BNL3	2e	-----C-----C--T-----TNGT---T--T--G---
17	FR4	2f	---T-G--C-----C--T-----T-G---T--CT-G---
19	BNL4	2g	---T--G-----T-GT---T--T--G---
23	BNL5	2h	---T--G--C-----C--T-----T-G-----T--A--C-
25	BNL6	2i	---G-----C--T-----T-A-----T---
215	NZL1	3a	---T-G--C-----C--T-----T--T--T-----
216	HCV-TR	3b	---T-----C--T-----T-----C--C--T--CT---C-
217	NE48	3c	---TT-A-----C--T-----T-G--T--T--CT---A-
218	NE274	3d	---TT-A--C-----T-G--T--TT-----
219	NE145	3e	-----C-----T-----T-G--T--T-----G--A-
220	NE125	3f	---TT-G--C-----C--T-----T--T--CT---A-
221	Z4	4a	---T-----C-----T-----A--T--T--G-
222	Z1	4b	-----T-----T-----A--T-----G-
223	GB358	4c	---T-----C-----T-CT---A--T--T--G-
224	DK13	4d	---T-----C-----CT---A-----G-
225	GB809	4e	---T--C--C-----C--T-----CT---A--T-----G-
29	BNL7	4k	-----C--C-----C--T-----CT---A--C-----G-
31	BNL8	4k	-----C-----T-----CT---A--C-----G-
33	BNL9	4k	---T-----C-----C--T-----CT---A--T-----G-
35	BNL10	4k	---TA---C-----Y--T-----Y---A--T-----G-
37	BNL11	4k	---Y--C--C-----T-----CT---A--T-----G-
39	BNL12	4l	-----C--C-----A-C-----A--T-----G-
226	BE95	5a	---TT-A--C-----TA---T--T--T-----G-
227	HK2	6a	---T--C--C-----T-----A--A-----G-
228	FR1	9a	---T-----C--T-----CT-A--A---T-A--G-
43	VN4	7c	---T-----C--NN-----N-----N--CT---A--T-----G-
47	VN12	7d	---T-----WCT---A--T-----G-
51	NE98	10a	---TT-A-----TT--T-----A-

12/74

Fig. 1L

SEQ ID		551	600
NO			
208	HCV-1	1a	GCTTGACTGTGCCCCGCTTCGGCCCTACCAAGTGCGCAACTCCACGGGGCTT
209	HCV-J	1b	-T-----CA-C--A-----C--T---G-G-----GTGT-C---A-A
210	HC-G9	1c	--C-----A--C--T-----GT-GG-----TT-----G-G
3	BNL1	1d	-----G--T-AA-KA-C--TC--G-G-----G-AT-C---G-G
7	BNL2	1d	-----G--T-AA--A-C--TC-TG-G-----G-AT-C---G-A
11	FR2	1f	--C-C--A--C--A-C--T-----TG-G---A--G-A-A--C-ATGGC
211	HC-J6	2a	--A-C--CACC--G-TC--C--TGC-G-----AAG---AT--GTACCGGC
212	HC-J8	2b	--G-C--A-----A-TG--T--AGTGG---CA-G---ATT-GTTC TAGC
213	S83	2c	--A-CT-----A-T---C--GTGG-G--CAAGG--A--GGC-ACTCC
214	NE92	2d	-TA-C-----G-TC--C-G--TG--G--CAAG---A--GCA-CTC-
15	BNL3	2e	-TG-C--C-----T-TC--T-N-GTTG-G--CAAA--TA--GTCA-GCC
17	FR4	2f	-TA-C--C-----TG--T--ATA--G--TAAG---AA--GCCACT-C
19	BNL4	2g	-TG-C--C-----T-TC--T--GTG--G--TAAG---A--GTACCA-G
23	BNL5	2h	-TC-C-----G--G--C--TGTG--G--CAAG---A--GCCACTC-
25	BNL6	2i	--A-C--C-----G-TC--T--GTG-----TGCG--CG--GT--TTC-
215	NZL1	3a	----A-T-CAT--A--AG-CAGTCTAG-GTG---G--TA-GT-T--C--C
216	HCV-TR	3b	-----TGC-----G--T-G--TAG-GTACACG---A-GT-T--C--A
217	NE48	3c	----GTCTGT--T--AG-A-GGCT-G-GTAC--G--TGTAT-C--C--C
218	NE274	3d	----GTCTGT--T--G-A-GGATTG--TAC--G--TGTGT-T--C--C
219	NE145	3e	----CT-TGC--T--AGTC-GG-TGG-G--T-----G-AT-C--T--C
220	NE125	3f	----GT-TCC-----AG---GGCTAG-GTACA-G---A-GT-C--C--A
221	Z4	4a	--C-C-----T--A--G-----TG-G--CTAC--G--TG-TT----CA-C
222	Z1	4b	--C---AACAA--A--A--T---GTG--CTAC--G--TG-TT----CG-C
223	GB358	4c	--C-----T-----A-C-----GT-A-CTAT-----TG--T----CA-C
224	DK13	4d	--C-----T-----A-CTAT-----AG-T----TG-C
225	GB809	4e	--C-C-----T-----G-----G-GTTA-CTAT-----TG-TT----CG--
29	BNL7	4k	--C-----C-----AT-A-CTAT-----TGT-T----CA--
31	BNL8	4k	--C-----T-----ATTA-CTAC-----A--T----CA-C
33	BNL9	4k	--C-----C-----ATTA-CTAC-A-----A--T----CA-C
35	BNL10	4k	-TC-----C-----ACTA-CTAT-----GT-T----CA-C
37	BNL11	4k	--C-----C-----AC-A-CTAC-----TGT-T----CA--
39	BNL12	4l	--C-----C--G--C-----TC-G--TTAT--G--TGT-T----CA--
226	BE95	5a	-TC----C--T--G--C--T--AGTT-CCTAC--A--TG--T-T---A--
227	HK2	6a	--C-C--AAC---A-----TCTTACCTACG-----GT-----A
228	FR1	9a	--C-C---ACA--A--C--A--AATT-----CAAG---G--T-T---A-C
43	VN4	7c	--C-T--AACAA--A--C--C--GGCG--TTATAC----AAGT-T--C--G
47	VN12	7d	--C-C--CAC---T--C--C--ACTAA-CTATGCT---AAGT-T-----G
51	NE98	10a	-----CT-ACA---A-AG-C-GGCTGG-GTAC--T--TG--T-C--A--C

13/74

Fig. 1M

SEQ ID		601	650
NO			
208	HCV-1	1a	TACCACGTCACCAATGATTGCCCTAACTCGAGTATTGTGTACGAGGCGGC
209	HCV-J	1b	-----T-----G--C--C---T-C-----A-----T-----A--
210	HC-G9	1c	-----T-----C---TG--TCCG-----A---A
3	BNL1	1d	--T--T-----C--C---TT-C-----C--CA-C--T---AT--A
7	BNL2	1d	--T--TC-----C---TT-C-----C--CA-C--T---AT-AG
11	FR2	1f	-----T-----T-----C---TT-C---GGC--C--C--A--T-----AAA
211	HC-J6	2a	---ATG--G-----C--C---A-C---TGAT--C---ACC-GGC-ACTCCA
212	HC-J8	2b	---T---C---T-----T-A---AAC--C--CACC-GGC--CTCA-
213	S83	2c	---ATGCCG-----C-----T-C-----T-----C--T-GGC--CTT-A
214	NE92	2d	---ATG--A-----C---AG---AGT--C--C--C-GGC--CTCAG
15	BNL3	2e	--TATG-CA-----C--C---T-C---AAC--C--C--A-GGC-ATT--N
17	FR4	2f	---ATG-CG--T-----C--TG-C--TGAC--C--C--C-GGC--CTCAG
19	BNL4	2g	---ATG-CA-----C---TT-C---AAC--C--CA-C-GGC-AAT-CA
23	BNL5	2h	--TATG--G-----T-A---AGC--C-----C-GGC--CTTAA
25	BNL6	2i	---ATG--G-----T-G---AGC--C--C--T-GGC--CTC-A
215	NZL1	3a	---GT-C-T-----C--C---TT-C---TAGC-----T-----C-A
216	HCV-TR	3b	--TGTGC-T-----C--C---T---TGG--C-----C-A
217	NE48	3c	---ATAC-----C---TT-G---AGC--C--A-----T-----C-A
218	NE274	3d	---GTGC-----C--C---T-----GGC-----C-----T-----CC-
219	NE145	3e	---ATGC-----C--T-A---AGC--C--A--A--T-----A
220	NE125	3f	---ATAC-T-----C--C---T-----AGC--C--C-----T-----T-A
221	Z4	4a	--T---A-----T--G--T--C-----A--C--T--A--T-A
222	Z1	4b	--T--T-----A-C--C--A-----A--A
223	GB358	4c	--T---A-----C-----G-----C--A-----A-C-A
224	DK13	4d	-----T-----C-----G-----C--A--C--T--AA-C-A
225	GB809	4e	--T---A-----C--C-----G--TG---C--A-----A-C-A
29	BNL7	4k	---T-T-----G--T--A--C--A-----T-----C-A
31	BNL8	4k	-----C-----G-----C--A--T--T-----C-A
33	BNL9	4k	--T--TA-----C--C---G--T--A--C--A-----T-----C-A
35	BNL10	4k	-----T-----C-----G--T--A--C--A-----T-----C-A
37	BNL11	4k	-----T-----C-----G--T--A--C--A---TT-----C-A
39	BNL12	4l	-----C--C-----G-----C--C--A-----T--T-C-A
226	BE95	5a	--T--T--T-----A-----TTCC--A--C--T-----A-A
227	HK2	6a	-----TC---A-----C-----C--C--C---CTG-----A
228	FR1	9a	-----TC-T-----C---T-G---AAC--C--C--T-TT-----A
43	VN4	7c	-----TC-----C--C-----C---AGC--C--C--T--T-----A
47	VN12	7d	--T--TC-A-----C-----C---TAGC--C-----T-----AA
51	NE98	10a	---ATG--A--T--C--C---AG---GGT-----C-----T-----C-G

14/74

Fig. 1N

SEQ ID	NO	651	700
208	HCV-1	1a	CGATGCCATCCTGCACACTCCGGGGTGCGTCCCTTGCGTTTCGTGAGGGCA
209	HCV-J	1b	G--CATG---A-----C---C-----G--C-----C--G---A-T-
210	HC-G9	1c	GA-CCTG---A-----TCTG--C-----T--G--C-A--A--C-----
3	BNL1	1d	--G-ATG---A-----TAC--A-----G--C-----G---AT-
7	BNL2	1d	T-G-ATG---T-----G-C--A-----T--G--C-----G---AA--
11	FR2	1f	G--CAT-----T-----G--T-----N--G--C---A-A--G--A----
211	HC-J6	2a	G-C---TG---C---GTC--C-----G---AGAAA-T---G-
212	HC-J8	2b	T--C--AG-T--C--TCT--T--A-----A--T-AGAA---TAATG
213	S83	2c	A-GA--AG-G--T--T-----T--A-----T-AG---ACC-C--
214	NE92	2d	G-----TG-T--T---GTC--C-----T-----T-AGGAGA-----
15	BNL3	2e	G--C--GG-G--T--TGT--T--A--T-----C---AGAA-AGCTC-G
17	FR4	2f	G--C--GG-G--C--TGT--T--A--T-----C--T-AGA-GTCA--T-
19	BNL4	2g	G-GC--GG-G--T--TGT--T--A--T-----G--T-AGTTGC-----
23	BNL5	2h	G-----TG-G--T---GTC--T--A--T--T--A--T-AGA-GC-CCAA-
25	BNL6	2i	G--G--G---T---GTC--T--A--T--T--C--T-AGT-GA---A--
215	NZL1	3a	T---T---T-----A--C--C--T--A-----T--C-AG--C----
216	HCV-TR	3b	A---TG---T-----TTA--C--A-----G--C-----CACAAACC----
217	NE48	3c	-C---T---T-----TTG--C--T-----A--C-----C-AAA-CAAT-
218	NE274	3d	T--A-T---T-----TTG--A--T--T--G--C-----AATCA-----
219	NE145	3e	A---TG-----TG--T--T---T--C-----G-AGA-C----
220	NE125	3f	TA---T-----TG--C--C--T--G--C---AC---C-----T-
221	Z4	4a	-C--CA-----A---TTG-----A--C--T--GATGACT--G-
222	Z1	4b	GC-CCA---A---TTG--A-----T-----C--T--G--GAC--AG-
223	GB358	4c	GC-CCA-----A---CTC--A-----TT-A--C-----GA-G-TT--G-
224	DK13	4d	TT-CCA---T-A---CTC-----A-----T-----GA-G--A--G-
225	GB809	4e	-A--CA---T-A---CTC--A-----A--C--T--GAAGACC--G-
29	BNL7	4k	-C--CA---T-----CTC--A--T-----G--C-----GA-A-----G-
31	BNL8	4k	-C-CCA---T-----CT--A--T-----G--C-----GA-AACT--G-
33	BNL9	4k	-C--CA---T-----TCTC--A--T-----G--C-----GA-A-T--G-
35	BNL10	4k	-C--CA---T-AGCACT--A--T-----G--C-----GA-A-T--G-
37	BNL11	4k	-C--CA---T-----CT--A--A-----G--C-----GAAA-----A-
39	BNL12	4l	-C--CA---T-A---CTA--A-----T--A--C--T--GAAGACT--G-
226	BE95	5a	TA-CCTG-----A---G-A--T--T-----G-----T--CATGACA--T-
227	HK2	6a	T-C-ATG---T-----TTTG--T--A---T-G-----T--GA-G-TC-ATG
228	FR1	9a	GACCATG--A-----TCT--A--T--T-----A--TA-CAAG-C---G-
43	VN4	7c	GACACTG--TT-----TTG--T-----T--A-----T--GAAGRT-RA--
47	VN12	7d	T-GCATG-----TCTC-----T-----C-----GAAGACC-----
51	NE98	10a	G---ATT-----C---TTA--T--C--T-----C-----A--CTCT-----

15/74

Fig. 10

SEQ ID		701	750
NO			
208	HCV-1	1a	ACGCCTCGAGGTGTTGGGTGGCGATGACCCCTACGGTGGCCACCAGGGAT
209	HCV-J	1b	-TTT---CC-T--C-----A---C-C--T--C---C-C--GG-----A-C
210	HC-G9	1c	-----CT-CC-T-GT--C--C--A---G-----
3	BNL1	1d	--CATCTCC-C--C---A-----C-C-----C---C-T--GGT--AAA-Y
7	BNL2	1d	--T-T--TC-T--C---A--C-RC-C-----C---C-T--GGT--AA--C
11	FR2	1f	-TAT---CC-T--C-----AC--C-C-----C---C-C--AG-GC--ATC
211	HC-J6	2a	-TA-A--TC-----C---A-AC--G-CT-A--G-AT-----GTGCA-C-G
212	HC-J8	2b	G-A---T-CAT--C---A-ACAAG-A--A--C-AC-----TGTG-AA-C-C
213	S83	2c	---T---TC-A-----C--G-TG---C-ATC-C---TA--TC-A
214	NE92	2d	--ATA--CC-C-----A-AC--G-TT-G--C-ATA-A--TGTG--CC-A
15	BNL3	2e	GTCGG-TCCAC-----A-CC-----CT-G--C-ACA-A--GTG--CA-A
17	FR4	2f	-TAGGA-CTTC-----ACA--G-CT-G--C-AC-----TGTG--CCGA
19	BNL4	2g	--TAAG--CC-----C---A-AC--G-C--T--C-AC-----TGTG-ACC-G
23	BNL5	2h	-TCAG--TC-C--C---A-AC-TG---A--C-AT-----GTG--CC-A
25	BNL6	2i	--A---CC-C--C---A-AC--G-C-----ACA-C--TGTG--CC-A
215	NZL1	3a	-TA-A--T-C---C---ACCC-AG---A-----A-----AGT----T-C
216	HCV-TR	3b	--CAA--ATCA--C---ACAA--G-CT-AA-G-----GTT---ACC
217	NE48	3c	--A--A---C---C---A-AC--G-----T--G--A-----GGT---TC-C
218	NE274	3d	--T-----CAA--C---A-TC--G--G-A--A--A-----GGTT-A-T-C
219	NE145	3e	--A-A---GA--C---ACCC--GC---A--A-----AGT---AT-C
220	NE125	3f	--CAG--A-----C---AC-C-AG-A--A--G--A-----TGT--AAC--
221	Z4	4a	--A-A---C-T--C---AC-C--G---G---A-----TGT-GCAC-C
222	Z1	4b	-TA-T--TC-C--C-----C-CT-----C--T-----G-GCCCT--
223	GB358	4c	-TCAG--AC-C--C-----CC-C--T--C--C-----GG-GCCTT-C
224	DK13	4d	--AAG--T-CA--C-----T-TC-C-----C--C-----TG-GCAAC--
225	GB809	4e	--CAG--C-----CC-C--T--C--A-----GT-GCCTT-C
29	BNL7	4k	-TCAG--AC-T--C-----A--CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C
31	BNL8	4k	-TCAG--AC-T--C-----CC-T--T-----C--C--AG-GCCAT-C
33	BNL9	4k	-TCAG-----T--C-----CC-T-----CA-C--AG-GCCAT-C
35	BNL10	4k	--CAG--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C
37	BNL11	4k	-TCAT--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C
39	BNL12	4l	--A-T---C-C--C-----CT-A--A-----C-----G-GCCATA
226	BE95	5a	-T-TGAGT--A--C-----CCAA--T-----AC--T-AG--CC-AGC
227	HK2	6a	-TCGG--C-CC-----CAT--TG-----C--CC-----TACCAA--
228	FR1	9a	-T-AG--AC-A-----C-CC-TG-CT----C--CT-A---GT-CCCA-C
43	VN4	7c	-TCAA--CC-----C-----CA-GCCT----G--CC----AGTGCC-A-C
47	VN12	7d	--CTGA-C-A-----C--T--GCCT----G--AT----GGTGCA-A--
51	NE98	10a	-TA-A--A--A--C---A-CC-TG---G---Y--C--C---GTG-A-TCG

16/74

Fig. 1P

SEQ ID			751	800
NO				
208	HCV-1	1a	GGCAAAC TCCCCGCGACGCAGCTTCGACGTCACATCGATCTGCTTGTCCG	
209	HCV-J	1b	A---GCA-----A-C---ACAA-A-----C---G-----T-----C---T---	
210	HC-G9	1c	TCGCGCG-----TC-GTG--G-----G-----GTG-----CTC-A-----	
3	BNL1	1d	-CT-GTG-----A-TR--GCAA-C-----G---CT-----T---	
7	BNL2	1d	-CT--TG-----TA-TG--GCAA-C-----C---TG-----CT-----G---T---	
11	FR2	1f	-CG--CGCT---ATCGATG--G-G--G-----G-----C---C---C---G---	
211	HC-J6	2a	CC-GGCGC--T-A--CA-GGCT-A--GACG-----T--CA--G----GAT	
212	HC-J8	2b	C--GGTGCG-T-A-TCGTAGC--G---ACA---G-----CA--A-C--AAT	
213	S83	2c	CCTGGCGCT-T-A-T-A-GGC--G---GCA-----A-CA-C--GAT	
214	NE92	2d	CCTGGTGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACG--T--T---ACCA-CA-T-C	
15	BNL3	2e	CCTGGTGCT-T-A-C-A-GGA--G--GGCA-G---T---GCCG-C--GAT	
17	FR4	2f	CCTGGTGCT-T-A-T-GAGGT--G--GGC-----T---ACCA-C--GAT	
19	BNL4	2g	CC-GGCGC--T-A-T-G-GGCT-G--GACG-----T--CACCA-C--GAT	
23	BNL5	2h	CCTGGCGCG-T-A-C-G-GGTT-G--GACG-----T--CACCA-C--T-C	
25	BNL6	2i	CCTGGCGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACA--T--T--CA-CA-----C	
215	NZL1	3a	-T-GG-GCAA-TA-TG-TTC-A-A--CA---TG-G--C--AT-A--A--	
216	HCV-TR	3b	CTTGGCG-GA--A-CG--TC-A-C---ACC--TG-G--A---G--A--	
217	NE48	3c	-T-GGTGCGA--A-CG-ATC-A-C--CG-G--G-G-----G--G--	
218	NE274	3d	-CTGGCGCGA--A-TG-ATC-A-C--CA---TG-G-----G--G--	
219	NE145	3e	-CTGGTGCAA-GA--G-TTCCG-A--CG-A---G-G---T---A-----	
220	NE125	3f	CCTGGCGCAGT-A-CG-ATCAA-C--CA-G--TG-G---T--A-G--G--	
221	Z4	4a	CCGGGCGCT--GCTTGA-TC-T-C--G--A--TG-G--CT-AA-G--A--	
222	Z1	4b	CC---CGCA--GTTAGA-TCCA-G--CA-G--TG-A--C---A-G--G--	
223	GB358	4c	AT-GGCGCT--GCTTGAATCC--C--GA---TG-G-----A-G--A--	
224	DK13	4d	CTG--TGCT--GCTTGA-TCTT-GA-----G-G-----A-G--G--	
225	GB809	4e	-T-GGTGCT--GCTCGA--CCT-G--G--C--TG-G--C---A-G--A--	
29	BNL7	4k	AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA---TG-G--CT--A-G--G--	
31	BNL8	4k	AT-GGCGCA--GCTTGA-TCT--G--GA---TG-G-----A-G--G--	
33	BNL9	4k	AT-GGCGCA--GCTTGA-TCTT-G--GA---TG-G-----A-G--G--	
35	BNL10	4k	AC-GCGGCG--GCTTGA-TCC--G--GA---TG-G-----A-G--G--	
37	BNL11	4k	AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA---TG-G---G--A-G--G--	
39	BNL12	4l	CTTTCGGCT--ACTT-T-TCCG-A--G--G--TG-G-----A-G--G--	
226	BE95	5a	CT-GG-GCAGT-A--G-T-CT-----GA-AGC-G-T--CTAC--A-CG--	
227	HK2	6a	-CTTCCACG-----A---GGAT-C--CA-G--TG-G-----T----CG--	
228	FR1	9a	TCATC-G-G--AATCCACGG-T----C--A---G-A--C--C--C--T--	
43	VN4	7c	-CGTCTACG--A-TC--CGG-T-C--CAAA--TG-G--CA-CA-G--G--	
47	VN12	7d	-CGTCGG-GT--ATC-G-GGTG-C--CGAG--G-G--C--CT-G--G--	
51	NE98	10a	CC-TGCGC-G--A-CG-CTCT--C--CACG--G-G--A--A-G--G--	

17/74

Fig. 1Q

SEQ ID	NO		801	850
208	HCV-1	1a	GAGCGCCACCCTCTGTTCGGCCCTCTACGTGGGGGACCTATGCGGGTCTG	
209	HCV-J	1b	-GCG--TG-T-----C--TA-G-----T---C-----A--C-	
210	HC-G9	1c	-GC---TG-GT-----TA-G--T--A-----C--CA	
3	BNL1	1d	-G-NN---GT-----C--TA-G-----R---T-----	
7	BNL2	1d	--CA---G-GT-TC---C--TA-G-----C-----A--C-	
11	FR2	1f	-GCA---GTGT---C--A---A-G---A-T-----T--T---GGC-	
211	HC-J6	2a	-TC-----G-----C--C--T--T-----C-----TGGG-	
212	HC-J8	2b	-GCA--T--GGC---C-----T-G--T-----A--TG-G-----G-C-	
213	S83	2c	-TCT--T--GG-----T-----T--T-----G-G--T--CG-GC	
214	NE92	2d	ATC---T--GT-T--C--T-----G---A-A--A-----G--T--CG-G-	
15	BNL3	2e	-TC-----C--T-----G-----A--TG-G-----CG-A-	
17	FR4	2f	-TC-----C--T-----A--A-A-----CG--	
19	BNL4	2g	-GT---T--G-----T--A-----A-C-----G-G--T--CG-G-	
23	BNL5	2h	-TCT--T--G---C--A--TT-G--T---C---T-C---CG-A-	
25	BNL6	2i	-TC-----GT---C--T---T-G--T-----	
215	NZL1	3a	CGCG-----GA-G--C--T--G-----T--TA-G--T---G---	
216	HCV-TR	3b	CGCACGACAA--G-----G--G---C-----GCT-T---G---	
217	NE48	3c	T-CG--T--AT-G-----A--T-----C--T-----T---G-A-	
218	NE274	3d	AGCT--T--GT-G--C--C--G--G--T--T--C--TA-G--T--AG-C-	
219	NE145	3e	C--T-----T--G--C--C--G---T--C--T-----T---G-C-	
220	NE125	3f	TGCA-----G--G-----A--A-----T--T--A--TT-G-----G---	
221	Z4	4a	CGCG-----TT-G-----T-----T--T-----C-----AGG--	
222	Z1	4b	TGCG--T--TA-G-----C--T-----A-T--A--T--G--T--AGGC-	
223	GB358	4c	TGC---T--TGCG--C--C--T--T---A-C--A---G-----TGGC-	
224	DK13	4d	CG-----T-----C--C-----A-C--A--G-G--T--GG--	
225	GB809	4e	TGCT-----G-G--C--C-----C--C-----G-----TGGCT	
29	BNL7	4k	-GC-----TG-T-----A-----T---A-C-----TT-R--T--YGGCT	
31	BNL8	4k	-GCT-----TG-T--C--A-----T---A-C-----TT-G--T--CGGCT	
33	BNL9	4k	-GCG-----TG-----A-----T---A-C-----TT-G--T--CGG--	
35	BNL10	4k	AGCT-----TG-T-----A-----T---A-C-----YT-G--T--CGGCT	
37	BNL11	4k	-GCT-----TG-T-----A-----T---A-C-----T--G-----TGGCT	
39	BNL12	4l	TGCA--T-----A-CG--T-----T--A-----C-----GG--	
226	BE95	5a	AG-G--TG-----C--C--GT-A-----A--A--GCG--T---G-AC	
227	HK2	6a	CGC---AGTGG-T--C--AT---G---A-C-----G--T--C---C	
228	FR1	9a	-GCA--GG-AT-T-----A-G---A-C--A-----C--T--TAGCA	
43	VN4	7c	CGCT---G-GT-----A--TA-G--T-----G-----GGCC	
47	VN12	7a	TGCT--TG-GT---C--T---A-G-----C--T-----TGGGC	
51	NE98	10a	RGCG-----A--C--A--T-----A--A-----T--T--AG-GC	

18/74

Fig. 1R

SEQ ID	NO	851	900
208	HCV-1	1a TCTTTCTTGTCTGGCCAACTGTTACCTTCTCTCCCAGGCGCCACTGGACG	
209	HCV-J	1b -T-----C---TC---G-----A---TC-C---GT-TGA----	
210	HC-G9	1c ----C-----T-----GA-C-----A---T-----	
3	BNL1	1d ----C-C-CT-----G-A-----T-A---C-CATG---CAT--A	
7	BNL2	1d ----C-----G-A-----T-A---C-CTTGT---CAT--A	
11	FR2	1f ----C-C-T-G---T-----A-GT-C---G---T-----	
211	HC-J6	2a -GA-G---CA-C---GA-----TTG---G--ACA--A-----TTT	
212	HC-J8	2b -GA-GA--C-ATCG--GGCT---TGG-A--A--ACAA-----AACTTC	
213	S83	2c -GA-G--G-C--CT--GG-CG--GT-G-G--G--ACAA-A---TAC-TTT	
214	NE92	2d -GA-GT-G-CTTCT--G-C---T-A---G---CA--AT--TAA-TTT	
15	BNL3	2e -GA-GA-A-CT-CA--GGCT---T-G-GG-A--G-A-----T-ACTTC	
17	FR4	2f -GA-GA-A-CA-CG---G-TGC-GT-G---A--GCAATA--TACTTTT	
19	BNL4	2g -GA-GA-A-CT-CT--GG-TG---TTG---G--GCAA-AT--AACTTT	
23	BNL5	2h -GA-GT-G---TCT---T-T---TGA---C--TCA--A---ATCTTC	
215	NZL1	3a -----C--G--A---GCC-----G---AGA--TC-A-----TCAA---	
216	HCV-TR	3b -G-----G--A---GC-----AGA--TC-C-----AC---C	
217	NE48	3c -T--C--C--A--A---GCA-----A--AGA--C-A-----CA---A	
218	NE274	3d ----CT-G--G--A---GGCT-----AGA--TC-T-AG---AAC---	
219	NE145	3e ----C-----G--G---GGCC--T--A---AGG--TC-T--T--TAC---T	
220	NE125	3f -T--C-----G-----GC-----T--AGAG-TC---AA--T-AT--C	
221	Z4	4a C---C--GA-G--G--GA--A---T--TCGG--GC-T-----C	
222	Z1	4b ----C--A--G-----G-----GA---CGA--GC-C--G-----C	
223	GB358	4c -A---T-G--T--T--GA-----T-T--CAG--GC-----T	
224	DK13	4d -G--CT-G-----T-----CAA--TC-C-----C	
225	GB809	4e -A--CT-G--A-----A-----CAA--GC-A-----	
29	BNL7	4k -G--C--A-----T--GA-----T-T--CGA--A-----T	
31	BNL8	4k -G--CT-G--T--T--GA-----TT-T--CGA--AC-A-----T	
33	BNL9	4k CG--CT-G--T--T--GA-----T-T--CGA--AC-----C	
35	BNL10	4k -G--CT-G--T--T--GA-----T-T--YCAG--TC-----T	
37	BNL11	4k -G--C--G--T--T--GA-----T-T--CGA--AC-----T	
39	BNL12	4l C---C--A--G--G--GA-----CAG--GC-T-----T	
226	BE95	5a -A--CT-G--A-----A-----ATAGG--TC-C-AG---GCT---	
227	HK2	6a -----T-G-CG--A-----A-----TCAG---C-C--T--T-----T	
228	FR1	9a -AA-CT-G--A--G--G--T--T--T---AGG--T-A-TA---TCA-GTT	
43	VN4	7c -T--C--C--T--A--G--C-----GC--AGG--TC--ATG--TCA-GTT	
47	VN12	7d -----C--T--G--GT-----G---AGA-----ATGT-TGA--TC	
51	NE98	10a -A-----Y--G--GGG---T-A-GGAGA-ATC-C-AG--T-----T	

19/74

Fig. 1S

SEQ ID			901	950
NO				
208	HCV-1	1a	ACGCAAGGTTGCAATTGCTCTATCTATCCCGGCCATATAACGGGTCACCG	
209	HCV-J	1b	GTA-----A-----A-----CG--T-A-----	
210	HC-G9	1c	-----AC-----C-----C--A-----G-G--A-----T--	
3	BNL1	1d	-----G-AG-----C-----A---	
7	BNL2	1d	--A--G-AG-----C-----A---	
11	FR2	1f	GT---G-AC--T-----T--C--T--CT-T-----C-----C-----	
211	HC-J6	2a	GT-----AC-----C-----C--T--TACC--C--T--A-----	
212	HC-J8	2b	--C-----AG-----C--T--C-----C-AA--T--C--C--C--C--T--	
213	S83	2c	GTC--G-AA-----C--T--C--A--C--G---GC--T-----A-----	
214	NE92	2d	GTC--G-AC-----C--T--C--A--C--A-----C--C--T--A--T--	
15	BNL3	2e	GTC--G-AA-----C--A--C--A-----C--T--A-----T--	
17	FR4	2f	GTC--G-AA-----C--A--C--A-----C--A--A--T--	
19	BNL4	2g	T-C--G-A-----T--C---	
23	BNL5	2h	GTC--G-A-----C-----G--A	
215	NZL1	3a	GTC--GACC--T--C-----GC-G--C--A-----C-TT-A--A--T--	
216	HCV-TR	3b	GT--GACG-----C-----G--A--C--A-----G-TT-A--A--T--	
217	NE48	3c	GTT--GCA-----C-----AC-G--C--A--T--G-TT-A-----T--	
218	NE274	3d	GT--GACC-----AC-G--C--T--T--C--T--A--A--A--A--	
219	NE145	3e	GTC--GACC-----C-----GT-G--C--A-----C--A--A--T--	
220	NE125	3f	GTC--GTTG-----AC-A--C--A--A--C--T--A--A--T-A	
221	Z4	4a	-----G-AG-----T--C-----CA-T-----C--C--C--A--	
222	Z1	4b	--C--G-A-----C-----C-----T--T--CG-CT-----C--A--	
223	GB358	4c	-----G-AC-----T--C-----CG-G--G--CG-T-----C--A--	
224	DK13	4d	--C-----AC-----T--C-----CA-A--A-----C--A--A--A--	
225	GB809	4e	--C--G-AC--T-----T--C-----CG-A--G-----T-----C--T--	
29	BNL7	4k	--T-----A-----T--C---	
31	BNL8	4k	G-C--G-A-----T-----	
33	BNL9	4k	--C-----A-----C-----C---	
35	BNL10	4k	--C--G-A-----T--C---	
37	BNL11	4k	--C--G-AA-----T--C---	
39	BNL12	4l	GTC----AC-----C--T--C---	
226	BE95	5a	GT---GAAC-----C--T--C--T--CAGT-----G-T--C--C-----	
227	HK2	6a	GT-----AC-----C-----C-----A-A-----CG-C--C--C--A--	
228	FR1	9a	--C--G-A--T--C-----NA-CN-T-----CG-C-----A--A--	
43	VN4	7c	GTC--G-AG--T--C--T--C-----CA-A--G-----C--T--A-----	
47	VN12	7d	G-C--G-AC-----C--T--C-----G-A-----C--C--T--G-----	
51	NE98	10a	GTC--G-AC-----C--T--C---	

20/74

Fig. 1T

SEQ ID			951	957
NO				
208	HCV-1	1a	CATGGCA	
209	HCV-J	1b	-----T	
210	HC-G9	1c	A-----T	
11	FR2	1f	NNNNNNN	
211	HC-J6	2a	-----G	
212	HC-J8	2b	-----	
213	S83	2c	-----T	
214	NE92	2d	G-----G	
15	BNL3	2e	-----G	
17	FR4	2f	A----NN	
215	NZL1	3a	A-----T	
216	HCV-TR	3b	T-----G	
217	NE48	3c	G-----T	
218	NE274	3d	G-----T	
219	NE145	3e	-----	
220	NE125	3f	T-----T	
221	Z4	4a	G-----G	
222	Z1	4b	G-----C	
223	GB358	4c	G-----	
224	DK13	4d	A-----T	
225	GB809	4e	G-----T	
226	BE95	5a	G-----	
227	HK2	6a	G-----T	
228	FR1	9a	G-----	
43	VN4	7c	A-----	
47	VN12	7d	G-----G	

21/74

Fig. 2A

SEQ ID			1	50
NO				
229	HCV1	1a	MSTNPKPQKKNKRNTRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATR	
230	HCV-J	1b	-----R-T-----	
2	BNL1	1d	-----R-T-----XXXXX-----X-----	
6	BNL2	1d	-----R-T-----X-----	
10	CAM1078	1e	-----R-T-----V-----A-----	
12	FR2	1f	-----R-T-----	
231	HCJ6	2a	-----R-T-----	
232	HCJ8	2b	-----R-T-----	
233	CH610	2c	-----R-T-----	
234	NE92	2d	-----R-T-----	
14	BNL3	2e	-----R-T-----	
18	FR4	2f	-----R-T-----P-----	
235	HCVTR	3b	---L---RQT---L---N-----V-----V-----	
236	DK13	4d	-----R-T-----M-----	
237	CAM600	4e	-----R-T-----M-----	
238	GB809	4e	---L-R-T-----M-----	
28	BNL7	4k	-----R-T-----M-----	
239	BE95	5a	-----R-T-----M-----	
240	HK2	6a	---L---R-T-----T-----	
42	FR1	9a	---L---R-T-----M-----	
44	VN4	7c	---L---R-T-----I-----	
46	VN13	7a	---L---R-T-----	
48	VN12	7d	---L---R-T-----M-----	
50	NE98	10a	---L---R-T-----X-----V-----Q-----V-----	

22/74

Fig. 2B

SEQ ID	NO		51	100
229	HCV1	1a	KTSEERSQPRGRRQPIPKARRPEGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSP	
230	HCV-J	1b	-----M-----	
2	BNL1	1d	-----X-X--S-----X-----	
6	BNL2	1d	-----D-----QSD-XX--H-----	
10	CAM1078	1e	-----E-----	
12	FR2	1f	-----S-----A-----	
231	HCV6	2a	-----D--ST-KS-GK-----L-----	
232	HCV8	2b	-----D--ST-KS-GK-----	
233	CH610	2c	-----D--TT-KS-GR-----L-----	
234	NE92	2d	-----D--T-KS-GK-----L-----	
14	BNL3	2e	-----D-XAT--S-GR-----L-----	
18	FR4	2f	-----D--AT-KS-GR-----L-----	
235	HCVTR	3b	-----KQ-HL-----SR--S-----K--L-----	
236	DK13	4d	-----QL--S-----	
237	CAM600	4e	-----T--S-----	
238	GB809	4e	-----S--S-----	
28	BNL7	4k	-----S--S-----X-----	
239	BE95	5a	-----Q-T--S-G-----A--L-----	
240	HK2	6a	-----Q-Q--H-----	
42	FR1	9a	-----V-Q-T--S-G-----	
44	VN4	7c	-----V-HQT-----	
46	VN13	7a	-----V-HQT-----	
48	VN12	7d	-----A-----V-QNQ-----	
50	NE98	10a	-----S-----R--T--S-----	

23/74

Fig. 2C

SEQ ID	NO		101	150
229	HCV1	1a	RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGAARA	
230	HCV-J	1b	-----	
2	BNL1	1d	-----N----	
6	BNL2	1d	-----	
12	FR2	1f	-----N-----S-T	
231	HC-J6	2a	-----N--H--V-----V-----V--	
232	HC-J8	2b	-----T-----H-----R--I-----V--V--V--	
233	CH610	2c	-----H-----V--V--V--	
234	NE92	2d	-----H-----V--V--V--	
14	BNL3	2e	-----XX-----X-V--V--X--	
18	FR4	2f	-----N--H-----X-----V--V--V--	
235	HCV-TR	3b	-----N-----F-----V--V--	
241	GB116	4c	-----V--V--	
236	DK13	4d	-----N-----V--V--V--	
237	CAM600	4e	-X--X--N--X-----V--V--	
238	GB809	4e	-----N-----V--V--	
242	G22	4f	-----V--V--	
243	GB549	4g	-----V--V--	
244	GB438	4h	-----V--V--	
28	BNL7	4k	-----N-----	
239	BE95	5a	-----N--N--K-----G-I--V--	
240	HK2	6a	-----H--N-----V-----V-A-	
42	FR1	9a	-----N--N-----XXL-----VL-G----V-A-	
44	VN4	7c	-----N--N-----V--X--V-X-	
46	VN13	7a	X-----N--N--X-----XX-----IE--	
48	VN12	7d	-----D-X-N--X-----E--V-----V-AE	
50	NE98	10a	-----N-----	

24/74

Fig. 2D

SEQ ID			151	200
NO				
229	HCV1	1a	LAHGVRVLEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL	
230	HCV-J	1b	-----I-----E---VS-I	
2	BNL1	1d	-----XT-HE---AS-V	
6	BNL2	1d	-----F-----TT-HE---AS-V	
12	FR2	1f	-X-----XG--XXXXX--X--XX--X-----T---E-HST-DG	
231	HC-J6	2a	-----F-----I-T-V--AE-K-ISTG	
232	HC-J8	2b	-----I-----V--V--VE---ISSS	
233	CH610	2c	-----I-----S---IS--V--VE-K-TSTS	
234	NE92	2d	-----I-----I--V-GL--K-TSSS	
14	BNL3	2e	--X-----I--X-----X-----V--V-XVE-K-TSQA	
18	FR4	2f	-----I-----I--V--I--K-NSHF	
20	BNL4	2g	-----V--V--V--K-TSTM	
24	BNL5	2h	--I-----V--K-TSHS	
26	BNL6	2i	--I-----I--V--V--A-RS-S	
235	HCV-TR	3b	-----A-G-----F---C---GLEYT-TS--	
241	GB116	4c	-E---AV---I-----S-----T--VNY--AS-V	
236	DK13	4d	-----L-----NY---S-V	
237	CAM600	4e	-----AV---I-----T--VNY--AS-I	
238	GB809	4e	-----AV---I-----GVNY--AS-V	
242	G22	4f	-----AV---I-----VHYH-TS-I	
243	GB549	4g	-----AV---I-----QHY--IS-I	
244	GB438	4h	-----AV---I-----V--R-----QHY--AS-I	
30	BNL7	4k	--I-F-----INY--VS-I	
32	BNL8	4k	--I-----INY--TS-I	
34	BNL9	4k	--I-----INYH-TS-I	
245	BNL9	4k	--I-----I--X--X-----TNY--VS-I	
36	BNL10	4k	--I-----X-----TNY--VS-I	
38	BNL11	4l	--I-----I-----QHY--VS-I	
239	BE95	5a	-----I-----VPY--AS-I	
240	HK2	6a	-----AI---I-----T---LTYG--S--	
42	FR1	9a	-----AI-----T---I--K-AS-I	
44	VN4	7c	-----XXI--X-----X--XX-X--X-----T---AHYT-KS--	
48	VN12	7d	-X---AI---I-----X-----T---LNYA-KS--	
52	NE98	10a	--I-F-----F---LT-TAGLEY--AS--	

25/74

Fig. 2E

SEQ ID	NO		201	250
229	HCV-1	1a	YHVTNDCPNSSIVYEAADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMTPTVATRD	
230	HCV-J	1b	-----S-----M-M-----S-F-----L---L-A-N	
2	BNL1	1d	-----S---I---MDGM-M-Y-----D-HL---M-L---L-VKX	
6	BNL2	1d	--L---S---I---MSGM---A-----N-S---MXL---L-VK-	
12	FR2	1f	-----S-G-----K-I-----X---I---I-----PL---L-A-I	
231	HC-J6	2a	-M-----T-D--TWQLQA-V--V-----EKV--T---IPVS-N--VQQ	
232	HC-J8	2b	-YA-----S-N--TWQLT--V--L-----ENDNGTLH--IQV--N--VKH	
233	CH610	2c	-M-----S-----WQLEG-V-----EQI-----PVS-N--I-Q	
234	NE92	2d	-M-----Q-----WQLR--V--V-----EEK--I---IPVS-NI-VSQ	
14	BNL3	2e	-MA-----S-N--WQLX--V--V-----ENSSGRFH--IPIS-NI-VSK	
18	FR4	2f	-MA-----A-D--WQLR--V--V-----E-S--RTF--T-VS-N--VSR	
20	BNL4	2g	-MA-----S-N--IWQMQG-V--V-----ELQ--K---IPV--N--VNQ	
24	BNL5	2h	-M-----S-----WQLK--V--V-----E-HQ-Q---IPV--N--VSQ	
26	BNL6	2i	-M-----S-----WQLEE-V--V-----EWKD-T---IPV--NI-VSQ	
235	HCVTR	3b	-VL-----S-G-----E-V---L-----TT--Q-S--TTVST---V-T	
241	GB116	4c	--I-----DYH---L---L---V--Q-----L-----APY	
236	DK13	4d	-----TDYH---L-----K-T---SL-----AQH	
237	CAM600	4e	--I-----A-----TENH---L-----T--Q-----L-----SPY	
238	GB809	4e	--I-----A-----TDNH---L-----KT--Q-----L-----SPY	
242	G22	4f	--L-----F--VHH---L-----T--Q-----L--L-APY	
243	GB549	4g	-----DHH-M-L-----T--T-----PL-----APY	
244	GB438	4h	-----DHH-M-L-----T--V---IPL-----VPY	
30	BNL7	4k	-Y-----DHH---L-----Q-----L-----APY	
32	BNL8	4k	-----DHH---L-----T--Q-----L-----APY	
34	BNL9	4k	--I-----DHH---L-----V--Q-S---L---I-APY	
245	BNL9	4k	-----DHH--AL-----V--Q-----L-----APY	
36	BNL10	4k	-----F--DHH---L-----K--H-----L-----APY	
38	BNL11	4l	-----SDHH---L-----KT--T-----L-----API	
246	GB724	4x	--I-----V---TDHH---L-----T--V---TPV-----AVS	
239	BE95	5a	-----DNL---A-----MT--V-----QI---LSAPS	
240	HK2	6a	--L-----L--DAM---L---L---VDDR-T--H-V---L-IPN	
42	FR1	9a	--L-----S-N---F--ETM---L-----IKA--E---LPVS--L-VPN	
44	VN4	7c	--L-----ETL---L-----KXX-Q-----QAS--L-VPN	
48	VN12	7d	--L-----NGM---L-----KT--LTK--LSAS--L-VQN	
52	NE98	10a	-M-----S-G-----G-I---L-----S--T-----IPVSX---VKS	

26/74

Fig. 2F

SEQ ID	NO		251	300
229	HCV-1	1a	GKLPATQLRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLCSVFLVGQLFTFSPRRHWT	
230	HCV-J	1b	SSI-T-TI---V-----A-A---M-----S-----YE-	
2	BNL1	1d	ASV-TXAI---V-----XX-F---M--X-----A-----M-H-	
6	BNL2	1d	ANV-TAAI---V-----T-AFR--M-----LYH-	
12	FR2	1f	ANA-IDEV---V-----A-VF---M-I-----G-----TS-----	
231	HC-J6	2a	PGALTQG--T---MV-M-----G-M-AA-M-IV--QH--F	
232	HC-J8	2b	RGALTRS--T-V-MI-MA--A-----V--A-MILS-A-MV--Q--NF	
233	CH610	2c	PGTLTKG--A-V-VI-M-----V--ALMIAA-AVIA--Q--TF	
234	NE92	2d	PGALTKG--T---TIIA--F-----I---A-M-AS-V-II--QH-KF	
14	BNL3	2e	PGALTKG--AR--AV-M-----V--A-MIAA-A-IVA-K--YF	
18	FR4	2f	PGALTRG--A---TI-M-----I---A-MIAA-VAVV--QY-TF	
20	BNL4	2g	PGALTRG--T---TI-MV-----I--V--A-MIAA-VVIV--QH-NF	
24	BNL5	2h	PGALTRG--T---TI-A---V-----F--A-M--S-F-MI--QH-IF	
26	BNL6	2i	PGAXTKG--T---II-A---F-----	
235	HCVTR	3b	LGVTTASI-T-V-M---ARQ-----AF-A-----A---R---T-	
241	GB116	4c	VGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----G-----M-S-Q-----	
236	DK13	4d	LNA-LES---V--M--G-----I--V--G-----Q-----	
237	CAM600	4e	AGA-LEP---V--M--A--M-----I-----GL-----M--Q-----	
238	GB809	4e	VGA-LEP---V--M--A--V-----GL-----M--Q-----	
242	G22	4f	LGA-LESM---V--M--T-----GI--A--M--R--L---	
243	GB549	4g	VGA-LESM---V--M--A--V-----I-----G-----M--R-----	
244	GB438	4h	LGA-L-SV-Q-V--M--A-----I--H--G--A--MVS-Q-----	
30	BNL7	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I--X-XGL-----M-S-R-----	
32	BNL8	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----	
34	BNL9	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----GA-----M-S-R-----	
245	BNL9	4k	TAA-LES--S-V--M--A--V-----I-X--GL-----M-SXQ-----	
36	BNL10	4k	IGA-LES--S-V-VM--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----	
38	BNL11	4l	LSA-LMSV---V--M--A--S-----GA-----M--Q-----	
246	GB724	4x	VDA-LESF---V--M--A-----V-----GA-----M--Q-----	
239	BE95	5a	LGAVTAP---AV-Y-A-G-A-----A--AL-----M--YR--Q-A-	
240	HK2	6a	AST---GF---V---A-A-VV--S--I-----L--A-----Q-----	
42	FR1	9a	SSV-IHGF---V-----A-AF---M-I-----II-----R-KY-QV	
44	VN4	7c	AST-V-GF-K-V-IM--A-AF---M-----GL-----LR--M-QV	
48	VN12	7d	ASVSIRGV-E-V-----A-AF---M-----GL-----R--MYEI	
52	NE98	10a	PCAATAS--T-V-MM-XA-----AL--X--G-SWRH-Q---	

27/74

Fig. 2G

SEQ ID	NO		301	319
229	HCV-1	1a	TQGCNCSIYPGHITGHRMA	
230	HCV-J	1b	V-D-----VS-----	
2	BNL1	1d	--E-----	
6	BNL2	1d	--E-----	
12	FR2	1f	V-D-----S-----XXX	
231	HC-J6	2a	V-D-----T-----	
232	HC-J8	2b	--E-----Q-----	
233	CH610	2c	V-E-----X	
234	NE92	2d	V-D-----	
14	BNL3	2e	V-E-----	
18	FR4	2f	V-E-----X	
20	BNL4	2g	S-D-----	
24	BNL5	2h	V-D-----	
235	HCVTR	3b	V-T-----VS-----	
241	GB116	4c	--D-----A--V-----	
236	DK13	4d	--D-----T-----	
237	CAM600	4e	--D-----T-----	
238	GB809	4e	--D-----A-----	
242	G22	4f	--E-----T-----	
243	GB549	4g	--D-----D-----	
244	GB438	4h	--D-----V-----	
30	BNL7	4k	--D-----	
32	BNL8	4k	A-D-----	
34	BNL9	4k	--D-----	
245	BNL9	4k	--D-----	
36	BNL10	4k	--E-----	
38	BNL11	4l	V-D-----	
246	GB724	4x	--D-----T-----	
239	BE95	5a	V-N-----S--V-----	
240	HK2	6a	V-D-----T--V-----	
42	FR1	9a	--D-----XNX--V-----	
44	VN4	7c	V-E-----T-----	
48	VN12	7d	A-D-----A-----	
52	NE98	10a	V-D-----	

28/74

Fig.3A

SEQ ID NO. 1 (BNL1, 1d)
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGTAACACCAACCGCCGCCCTCAKGGSGTN
NNNNNNCCGGGTGGCGGTGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGGNNG
GGTGTGCGCGCGACTAGGAAGACTTCCGAGCGGTACCAACCTCGTGGCAGGCGACAGCCTATCCCC
AAGGCTCGYCCGYCCGAGGGCAGGTCTTGGGCTCAGCCCGGTATCCTTGGCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGTGGGCGGGNTGGCTCTGTCCCCCGCGGGCTCTCGGCCCAATTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 3 (BNL1, 1d)
GACGGCGTGAACCTATGCAACAGGGAACCTGCCCCGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTGGCTTG
CTGTCTCTGCTTGACGGTTCCAACKACCGCTCAGGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTGTATCATGTC
ACCAACGACTGTTCCAACTCGAGCATCATCTATGAGATGGACGGTATGATCATGCACTACCCAGGG
TGGGTGCCCTGCGTTCCGGGAGGATAACCATCTCCGCTGCTGGATGGCGCTCAGCCCCACGCTTGCG
GTCAAAAAYGCTAGTGTCCCCACTRCGGCAATCCGACGTCACGTGCACTTGGTTGTTGGGGNNCC
ACGTTCTGTTCCGCTATGTACGTGGGAGACCTTTCGGGGTCTGTCTTCCTCGCTGGCCAGCTATTC
ACCTTTTACCCCCGCATGCACCATACACGAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 5 (BNL2, 1d)
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGTAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGNTCCCGGGTGGTGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACAGGAAGACTTCCGAGCGGTGCGAGCCTCGTGACAGGCGACAGCCTATTCTT
AAGGCTCGCCAGTCCGATGGCAGNNCCTGGGCTCAGCCAGGGCATCCCTGGCCCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCTGTCCCCCGCGGCTCTCGGCCAGTTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 7 (BNL2, 1d)
GACGGCGTGAACCTATGCAACAGGGAATTTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTAGCTTTT
CTGTCTCTGCTTGACGGTTCCAACTACCGCTCATGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTATATCATCTC
ACCAATGACTGTTCCAACCTCGAGCATCATCTATGAGATGAGTGGTATGATCTTGACAGCCCCAGGG
TGTGTGCCCTGCGTTCCGGGAGAACAACTCTTCTCGTTGCTGGATGCCRCTCAGCCCCACGCTTGCG
GTCAAAGACGCTAATGTCCCTACTGCGGCAATCCGAGCCATGTCGACTTGGTTGGGTGGGACAGCC
GCGTTTCTGTTCCGCTATGTACGTGGGGGACCTCTGCGGATCCGTTCTTCTTGTGGCCAGCTATTC
ACCTTTTACCCCCGCTTGTACCATAACAACAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 9 (CAM1078, 1e)
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGGCCCCAGATTG
GGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCCGAGCGGTGCGCAACCTCGTGGGAGGCGCCAACCTATTCCC
AAGGAGCGCCGACCCGAGGGCAGGT

29/74

Fig. 3B

SEQ ID NO. 11 (FR2, 1f)
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGCAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTT
AAATTCCCGGGTGGGGGGCAGATCGTGGGTGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCAGCAGGAAGACTTCCGAGCGGTGCAACCTCGCGGAAGGC
GACAGCCTATCCCAAGGCTCGCCGACCCGAGGGCAGGTCCTGGGCTCAGCCTGGGTACC
CATGGCCCCCTCTATGCTAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCTCGCG
GCTCCCGTCTTAGCTGGGGCCCCAATGACCCCCGAGTAGATCACGCAATTGGGTAAGG
TCATCGATACCCTAACGTGTGGCTTCGCGCATCTCATGGGGTACATTCCGCTCGTGGGCGC
CCCCCTAGGGGGCGCTTCCAGAACCTGNCACATGCTGTCCGGGTCTGGNAGGCGCGGTGATNNN
NNNNNNNNNAACCTTCCNGGTTGCTCTTTNNCTATCTTCTCTGGCNTTACTCTCTGCTCAC
AGTCCCCACCTCTGCTATGAGGTGCACAGCACCAACCGATGGCTACCATGTCACTAATGACTGTT
CAACGGCAGCATCGIATATGAGGCAAGGACATCATCTTCACACGCTGGGTGNGTGCCCTGCAT
ACGGGAAGGCAATATCTCCCGTTGCTGGGTACCGCTCACCCACGCTCGCAGCGCGGATCGCGAA
CGCTCCCATCGATGAGGTGCGGCGTCACTCGACCTCTCTGGGGCAGCGGTGTTCTGCTCAGC
CATGTACATTGGGGACCTTTGTGGGGCGCTCTTCTCTGTTGGGCAATTGTTACCTTCACGTCCTCG
GCGGCATTGGACGGTGCAGGACTGTAATTGTTCCATTACTCTGGCCACATAACGGGCCACCGNN
NNNN

SEQ ID NO. 13 (BNL3, 2e)
ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAGAAATACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGCGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAGATTG
GGTGTGCGCGCAGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAGGGCGCCAGCCATCCCT
AAAGATCGGNGGCCACTGGCAGGTCTTGGGACGTCCAGGATATCCCTGGCCCCGTGATGGGAAC
GAGGGGCTCGGCTGGGCAGGATGGCTCCTGTCCCCCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 15 (BNL3, 2e)
ACGTGCGGNTGCGGACCTCATGGGCTACATNCCCGTTGTGCGCGCCCCGGTGGGCGGGGTNGC
CAGGGCCCCCTCGCGNATGGCGTGGGGTCTGGAGGACGGGATAAATTATGNAACAGGGAACCTCCC
TGGTTGCTCCTTTCTATCTTCTNGTTGGCTCTTCTGTCTTGTGTACCGTGCCTGTCTGNCGT
TGAGGTCAAAATACAGTCAAGGCTATATGGCAACCAAGACTGCTCCAACAACAGCATCGTATG
GCAATTGGNGGACGCGGTGCTTATGTTCTTGGATGTGTCCTGCGAGAATAGCTCCGGTCCGTT
CCACTGTTGGATCCCGATCTCGCCCAACATAGCCGTGAGCAACCTGGTGTCTCACCAAGGACT
GCGGGCACGCATTGATGCCGTGCTGATGTCCGCCACCTCTGCTCTGCCCTGTACGTGGGAGATGT
GTGCGGCGCAGTGATGATAGCTGCACAGGCTTTCATCGTGGCACCGAAGCGCCATTACTTCTGTC
GGAATGCAATTGCTCCATATACCCAGGCCACATTACAGGTATCGCATGGCG

SEQ ID NO. 17 (FR4, 2f)
ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAACTAAAGAAACACTAACCCTCGCCACAGGAC
GTTAAGTTCCCGGGCGGCGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAG
GTTGGGTGTGCGCGCGCCAAGGAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAGGGCGCCAGCCC
ATCCCAAAGATCGGCGCGCCACTGGCAAGTCTTGGGACGTCCAGGATACCTTGGCCCCCTGT
ACGGGAACGAGGGCCTCGGCTGGGCGAGGTTGGCTCCTGTCCCCCGGGGCTCTGCCCCCTCGT
GGGCCAAACGACCCCCGGCACAGGTCAACCAACTTGGGTAAAGTATCGATACCTTACAGT
TGGCTTTGSCACCTCATGGGTACATACTGTCTGCGCGCCCCCTGTGGGCGCGCTTGGCAGA
GCCCTCGCGCATGGCGTGGGGTCTGGAGGACGGGATAAATTATGCAACAGGGAACCTTGGCCGT
TGCTCTTTTCTATCTTCTGTGCTCTCTGTCTTGTATCACCGTGGCCGTGTCTGCCATACAG
GTTAAGAACAACAGCCACTTCTACATGGCGACTAATGACTGTGCCAATGACAGCATCGTCTGGCAG
CTCAGGACGCGGTGCTCCATGTTCTTGGATGTGTCCTGTGAGAGGTCAAGTAAATAGGACCTTC
TGTGGACAGCGGTCTCGCCCAACGTGGCTGTGAGCCGACCTGGTGTCTCACTAGAGGTCTGCGG
GCTCACATTGATAACCATCGTGATGTCCGCCACCTCTGCTCTGCCCTATACATAGGGGACCTATGC
GGCGCTGTGATGATAGCAGCGCAAGTTGCCGTCTCACCAGCAATACCATACTTTTGTCCAGGAA
TGCAACTGCTCCATATACCCAGGCCATATCACAGGACATCGAATGNN

30/74

Fig. 3C

SEQ ID NO. 19 (BNL4, 2g)
GACGGGGTAAATTATGCAACAGGGGAATCTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCTTGTGGCTCTT
CTGTCTTTGTGTACCGTGCCTGTCTCTGCCGTGCAGGTTAAGAACACCCAGTACCATGTACATGGCA
ACCAATGACTGTTCACAACACAGCATCATCTGGCAAATGCAGGGCGCGGTGCTTCATGTTCCCTGGA
TGTGTCCCGTGTGAGTTGCGAGGGCAATAAGTCCCGGTGCTGGATACCGGTCACTCCCAACGTGGCT
GTGAACCAAGCCCGGCGCCCTCACTAGGGGCTTGGCGACGCACATTGACACCATCGTGATGGTCCGT
ACGCTCTGTTCTGCACTCTACATCGGGGACGTGTGTGGCGCGGTGATGATAGCTGCTCAGGTTGTC
ATTGTCTCGCCGCAACATCACAACCTTTCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 21 (BNL5, 2h)
ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAGAAACACTAACCGCCGCCACAGGACGTT
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTTCGGCGCAGGGGCCCCCGGTTG
GGTGTGCGCGGACAGAGGAAAACTTCGAACGSTCCAGCCACGTGGGAGGCGCCAGCCCATCCCT
AAAGATCGGCGCTCCACTGGCAAATCCTGGGGACGTCCAGGATACCTTGGCCCCGTGTATGGGAAC
GAGGGCCTTGGTTGGGCAGGATGGCTCTTGTCCCTCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 23 (BNL5, 2h)
GACGGGATAAACTACGCAACAGGGGAATCTGCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTGTGGCCTTG
CTATCCTGTCTCACTGTGCCGCGCTCCGCTGTGCAGGTCAAGAACACCCAGCCACTCTTATATGGTG
ACCAATGATTGCTCAAACAGCAGCATTGTCTGGCAGCTTAAGGATGCTGTGCTTCACGTCCTCGGA
TGTGTTCCATGTGAGAGGCACCAAAATCAGTCTCGCTGCTGGATACCTGTGACACCCAATGTGGCC
GTGAGCCAACTGGCGCGCTCACCAGGGGTTTGGCGGACGCACATTGACACCATCGTTGCGTCTGCT
ACCGTCTGCTCAGCTTGTATGTGGGCGACTTCTGCGGCGCAGTGATGTTGGTCTCTCAATTTTTC
ATGATCTCCCTCAGCACCATCTTCTGTCAGGATTGCAACTGCTCGATA

SEQ ID NO. 25 (BNL6, 2i)
GACGGGATAAACTATGCAACAGGGGAACCTGCCTGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTACTGGCCCTG
CTTTCTTGCATCACCGTGCCTGCTCTGCCGTGCAAGTTGCGAACCGCAGTGGTTCTTACATGGTG
ACCAATGATTGCTCGAACAGCAGCATCGTTTGGCAGCTCGAGGAGGCCGCTTCACGTCCCTGGA
TGTGTTCCCTGTGAGTGAAGGACAACACCTCCCGCTGCTGGATACCGGTCACCCCTAACATCGCT
GTGAGCCAACCTGGCGCGCTTACCAAGGGCCTGCGGACACATATTGACATCATTGTGCGCTCCGCC
ACGTTCTGCTCTGCCCTTGTATGTGGG

SEQ ID NO. 27 (BNL7, 4k)
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGTAACACCAACCGCCGCCCATGGACGTT
AAGTTCCCGGGTGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTTCGGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGGACTCGGAAGACTTCGGAGCGGTGCGAACCTCGTGGGAGACGCCAACCTATCCCC
AAGGCGCGTGGATCCGAGGGAAGGTCCTGGGCACAGCCAGGATATCCATGGCCCTTTACGGGTAAT
GAGGTTTCGGGTGGGCANNAATGGCTCTTGTCCCCCGCGGTTCTC

SEQ ID NO. 29 (BNL7, 4k)
GACGGGATCAATTTTGAACAGGGGAACCTCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTCTTGGCACTC
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCATCAACTATCGCAATGTCTCGGGCATTACTATGTC
ACCAATGATTGCCCGAATTCAAGCATAGTGATGAGGCGGACCATCACATCTTGCACCTCCCAGGT
TGGTGCCCTGCGTGAGAGAGGGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTAGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCGCCACTTGAGTCTCTACGGAGTCATGTGGACTTGATGTTGGGGGCGCC
ACTGTTTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTTGTGTGGYGGCTTGTCTTAGTCGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCAAGCGCCCACTGGACTACTCAAGATTGCAATTGTTCCATC

31/74

Fig. 3D

SEQ ID NO 31 (BNL8, 4k)
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTTCCCGGTTGCTCTTTTCTATCTTCCCTCTTGGCACTC
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGCTTCGGCCATTAACTACCGCAACACCTCGGGCATCTACCACGTC
ACCAATGACTGCCCCGAACCTCGAGCATAGTTTATGAGGCCGACCACACATCTTGCACCTTCCAGGT
TGCCTGCCCTGCGTGAGAATCGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTGGCCCTTACTCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTCTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGGCTGCC
ACTGTTTGCTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCACGACGCCACTGGACTGCCAGCATTGCAATTGTTCTATC

SEQ ID NO. 33 (BNL9, 4k)
GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAATCTTCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGCTTCGGCCATTAACTACCGCAACACCTCGGGCATCTATCATATC
ACCAACGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGCATCTCCCAGGT
TGCCTGCCCTGCGTGAGAGTGGGAATCAGTCGAGTTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCATCGCA
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTTTCGGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGGCGGCC
ACTGTTGTTTACGCCCTTTACATCGGGGATTTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCACGCGGCCACTGGACCACCCAAGATTGCAACTGCTCCATC

SEQ ID NO. 35 (BNL10, 4k)
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAATATTCCCGGTTGCTCYTTTCTATCTTCCCTTGTGGCACTT
CTCTCGTGTCTGACTGTCCCGCTTCGGCCACTAACTATCGCAACGCTCTCGGGCATCTACCATGTC
ACCAATGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGCACCTTCCAGGA
TGCCTGCCCTGCGTGAGAGTGGGAACCAAGTCACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACACCGCGCGGCCCTTGAGTCCCTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGAGCTGCC
ACTGTTTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTTCAGCCTCGGCGGCCACTGGACTACCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 37 (BNL11, 4k)
GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAAYCTCCCGGTTGCTCTTTTCTATCTTCCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGCTTCGGCCACCAACTACCGCAATGTCTCGGGCATTTACCATGTC
ACCAATGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGCACCTTCCAGGA
TGCCTGCCCTGCGTGAAAGAGGGAATCATTACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCGGCCACTTGAGTCTCTACGAGTCATGTGGATGTGATGGTGGGGGCTGCC
ACTGTTTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGATCTGTGCGGTGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCACGCGGCCACTGGACTACCCAGGAATGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 39 (BNL12, 41)
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCTATCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGCTTCGGCTCAGCATTATCGGAATGTCTCGGGCATTTACCACTGTC
ACCAACGACTGCCCCGAACCTCCAGCATAGTGTATGAGTCCGACCATCACATCTTACACCTACCGGG
TGTGTACCCCTGTGTGAAGACTGGGAACACTTCGCGCTGCTGGGTGGCCCTAACACCTACCGTGGCC
GCGCCCATACTTTTCGGCTCCACTTATGTCCGTACGCGGCGCATGTGGATCTGATGGTGGGTGCAGCT
ACCCATCTGCTGCTGCTTACGTTGGAGACCTCTGCGGGGGTGCCTTCTAGTGGGGCAGATGTTT
ACCTTCCAGCCCGCTCGCCACTGGACTGTCCAAGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 45 (VN13, 7a)
ATGAGCACACTTCTTAACCTCAAAGAAAAACCAACGAAACACCAACCGTCGCCCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGTGGCGGTGAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCGCTTCTTTG
GGTGTGCGCGGACGAGGAAACTTCTGAACGGTCCAGCCAGGGGTAGACGCCAACCTATACCG
AAGGTGCGTACCAAACGGGCGGTACCTGGGCTCAACCCGGGTACCCCTGGCCCTTTATGGGAAT
GAGGGTTGTGGCTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCNCGGCTCTCGCCCTAATTTGGGGCCCTAAT
GACCCCGGNGGAGGTCCCCGCAACCTGGGTAGGTTCATGATACCCCTACTTGNGGSTTCGCGGAC
CTCATAGAGTACATTCC

32/74

Fig. 3E

SEQ ID NO. 43 (VN4, 7c)
ATGAGCACACTTCCAAACCCCAAGAAAAACCAAAAGAAACACCATCCGCCGCCACACA
GGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGCTGCCGCGCAG
GGGCCCGCGCTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCCAGAGG
TAGGCGCCAAACCAATACCCAAAGTGGCGCCACCAACGGGGCGGTACCTGGGCCAGCCCGG
GTACCCCTGGCCTCTTTATGGAATGAGGGCTGTGTTGGGCAGGCTGGCTCCTGTCCCC
CCGCGGCTCTCGCCCAAATTGGGGCCCAACGACCCCGCGGAGGTCCCGCAACTTGGG
TAAAGTCATCGACACCCTTACTTGGCGCTTCCGCGACCTCATGGGGTATATCCCTGTCTAG
GCGCTCCGWTGGGAGGCGTCCGCGNGGCCCTTGGCGCATGGGGTCANGGNCATCGAGGACGNGTAA
ATTACGCAACAGNGAATCTTCCCGGNGGCTCTNCTCTATCTNCTCTTGGCACTTCTCTCGTGCC
TTACAACACCAGCCTCCGCGGCGCATTATACCAACAGTCTGGCCTGTACCATCTCACCAACGACT
GCCCCAACAGCAGCATCGTTTATGAGGCGGAGACACTGATTTTGCACCTTGCCTGGGTGTGTACCTT
GTGTGAAGRTGRACATCAATCCCGGTGCTGGGTGCAGGCCCTCCCGACCCCTGGCAGTGCCGAACG
CGTCTACGCCAGTCACCGGGTTCGCGAAACATGTGGACATCATGGTGGGCGCTGCCGCGTTCTGT
CAGCTATGTATGTGGGGGACCTGTGCGGGGGCCTTTTCTCGTTGGACAGCTCTTCACGCTCAGGC
CTCGGATGCATCAGGTTGTCCAGGAGTGTAATGTTCCATCTACACAGGGCATATCACTGGACACC
GAATGGCA

SEQ ID NO. 47 (VN12, 7d)
ATGAGCACACTTCCAAACCCCAAGAAAAACCAAAAGAAACACAAACCGTCGCCCAATGATGTC
AAGTTCCCGGGCGGGCGGTTCAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGTACCGCGCAGGGGCCACGTTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAGACTTCGGAACGTTCCAGGCCAGAGGTAGGCGCCAAACCAATACCC
AAGGTGCGCCAGAACCAAGGCCGAACCTGGGCTCAGCCTGGGTACCCCTGGCCCCCTTTATGGGAAC
GAGGGCTGCGGCTGGGCGGGGTGGCTCTTGTCCCCCGTGGCTCTCGCCCGGACTGGGNGCCCAAT
GACCCCGGNGGAGGTCCCGCAACCTGGGTAAAGTCATCG
ACACCCCTCACTTGGCGCTTCCGCGACCTCATGGAGTACATCCCTGTCTGTTGGCGCCCCCT
TGGAGGCGTTGCGGCGGAACCTGGNACATGGTGTGAGGGCCATCGAGGACGGGATAAACTATGCAAC
AGGGAATCTTCTGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCWCTTGGCACTTCTCTCGTGCCCTACCAACGCC
TGCTTCCGCACTAACTATGCTTACAAGTCTGGGCTGTATCATCTAACCAATGACTGCCCAATAG
CAGCATTGTGTATGAGGCCAATGGCATGATCCTGCACTCTCCCGGGTGGCTCCCCCTGCGTGAAGAC
CGGCAACCTGACCAAGTGTGGCTGTGCGGCTCCCCGACATTGGCGGTGCAGAAATGCGTGGGTGTC
CATCAGGGGTGTCCGCGAGCACGTGGACCTCTTGGTGGGTGCTGCTGCGTTCTGCTCTGCCATGTA
CGTGGCGGACTTATGCGGTGGGCTCTTTCTCGTTGGGCAGTTGTTACGTTTCAGACCCAGGATGTA
TGAGATCGCCAGGACTGCAACTGTTCCATCTATGTCAGGCCACATCACTGGGCACCGGATGGCG

SEQ ID NO. 41 (FR1, 9a)
ATGAGCACACTTCCAAACCCCAAGAAAAACCAAAAGAAATACTAACCGTCGCCCTATGGAC
GTCAAGTTCCCGGGCGGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTGGCGCGCAGGGGGC
CCTCGTTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACCTCCGAACGGTCCCAGCCTAGAGGCAGG
CGCCAGCCCCATACCAAGGTACGCCAGCCGACAGGCCGTAGCTGGGGTCAACCCGGCTAC
CCTTGGCCCCCTTTATGGCAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCGC
GGGTCTCGTCTTAATTGGGGCCCCAACGACCCCGGGAAGGTCCCGCAACTTGGGTAAG
GTCATCGATACCCCTTACATNCGGNCATGCCGACCTCATGGGGTACATCCCTGTCTAGGAGG
GCGGCTTGGCGGCGTTGCGGCTGCCCTGGCGCATGGCCTTAGGGCAATCGAGGACGGGGTCAATTA
CGCAACAGGGAATCTTCTGTTGCTCCTTTCTATCTTCTCTTACCACTGTTATCGTGCCCTCAC
TACACAGCCTCAGCAATTAAGTCAAGAAGCCCTTGGGATCTACCATCTTACCAATGACTGCTC
GAACAAACAGCATCGTTTTTGGGCGGAGACCATGTAAGTCTTCCAGGTTGTGTCCCATGTAT
CAAGGCGGGGAATGAGTCACGATGTTGGCTCCTGTCTCCCCACCTTAGCCGTCCCCAAGTCATC
AGTGCCCAATCCACGGGTTTCGCCGACACGTAGACCTCCTCGTTGGGGCAGCGGCATTTTCTCGGC
CATGTACATCGGAGACCTCTGTGGTAGCATAATCTTGGTAGGGCAGCTTTTACTTTCAGGCCTAA
GTACCATCAGGTTACCCAGGATTGTAATGCTCTATNAACNCTGGCCACGTACGGGACACAGGAT
GGCA

33/74

Fig. 3F

SEQ ID NO. 49 (NE98, 10a)
ATGAGCACACTTCCTAAACCACAAAGAAAAACCAAAAGAAACACCAACC?CCGGCCACAGGACGTT
AAGTTCCAGGCGGCGGTGAGATCGTTGGTGGAGTTTACGTGCTACCACGAGGGGGCCCCAGTTG
GGTGTGCGTGCAGTGCAGACTTCCGAGCGGTGCAACCTCGCAGTAGGCGCCAACCCATCCCC
AGGGCGCGCCGAACCGAGGGCAGGTCTGGGCTAGCCCGGTACCCTTGGCCCCATATATGGGAAT
GAGGGCTGCGGGTGGGAGGGTGGCTCCTGTCCCCGCGGGTCTC

SEQ ID NO. 51 (NE98, 10a)
GACGGAATTAATTTTCGCAACAGGGAATTTACCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCTTCTGGCTTTG
TTCTCATGCTTGCTTACACCCACAGCCGGGCTGGAGTACCGTAATGCCTCCGACTCTACATGGTA
ACTAACSACTGCAGTAACGGTAGTATCGTGTATGAGGCGGGGATATTATCCTCCACTTACCTGGC
TGTGTCCCTGCGTACGCTCTGGCAATACATCAAGATGCTGGATCCCTGTGAGCCCYACCGTCCGC
GTGCTGCGCCCTGCGCGGCCACCGCCTCTCTCCGACGCGACGTGGATATGATGGTGGGRGCGGCC
ACCCATATGCTCAGCTCTCTACGTAGGAGACCTTTGTGGAGCGCTATTTCTTGTGCGGAGGGGTTG
TCATGCAGACATCGCCAGCATTGCACTGTCCAGCACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 53 (BNL1, 1d)
CTCGACAGTTACTGAGAATGACATCCGTGTCGAGGAATCAATATACCAATGTTGTGACTTGGCCCC
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGGCTGTACATCGGGGGCCCCYCTAACCAATTC
AAAAGGACAGAAGTGCAGGCTACCGTCCGTGCGCGCCAGCGCGGTGCTGACTACCAAGCTGCGGCAA
CACCCCTGACATGCTACTTGAAGCCAGAGCGGCTGTGAGCTGCAAAGCTCCGGGACTGCACCAT
GCTCGTGTGCGGGGATGACCTTGTGCTTATCTGTGAGAGTCCGGGAGTCGAGGAAGACGCGGCGAA
CCTACGAGCT

SEQ ID NO. 55 (BNL2, 1d)
CTCGACAGTTACTGAGAACGACATCCGTACCGAGGRATCAATCTATCAATGTTGTGACTTGGCCCC
YGAGGCCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGGCTGTACGTCCGGGGCCCCCTAACCAATTC
AAAGGGGACAGAAGTGCAGGCTATCGTCCGTGCGCGCTAGCGCGGTGCTGACTACCAAGCTGCGGCAA
CACCCCTCACATGCTACTTGAAGCCAGGGCGGCTGTGAGCTGCAAAGCTCCAGGACTGCACGAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTGCTTATCTGTGAGAGCGCGGGAGTCGAGGAGGACGCGGCGAA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 57 (FR17, 1d)
CTCGACAGTTACTGAGAACGACATTCGTGTGAGGAATCAATCTACCAAGTCTGTGACTTGGCCCC
CGAGGCCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGGCTGTATATCGGGGGTCCCCCTAACCAACTC
AAAAGGGCAGAAGTGCAGGCTACCGTCCGTGCGCGCCAGCGGGCTGTGACTACCAAGCTGCGGTAA
TACCCCTCACATGTTACTTGAAGCCAGGGCGGCTGTGAGCTGCGAAGCTCCAGGACTGCACCAAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTGCTTATCTGTGAGAGTGCAGGAGTCGAGGAGGATGCGGCGAA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 59 (CAM1078, 1e)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCAGGACGACCGGGTCCCTTTCTTGGATCAACCCGCTCAATGCCTGGA
GATTTGGGCGTGCCCCGCAAGACTGCTAGCCAGTAGTGTGGGTGCGGAAAGGCTTG
TGGTATGCCCTGATAGGGTGTGCGAGTGGCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCACCAT
GAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAACCAAAGAAACACCAACCGCGCCACAGGA
CGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGG
CCCTAGATTGGGTGTGCGCGCAGCGCGAAGACTTCGAGCGGTGCAACCTCGTGGGAG
GCGCAACCTATTCCCAAGGAGCGCCAGCCAGGGCAGGTCTGGGCGCAGCCCGGTA
CCCCTGCCCCCTCTATGGTAACGAGGGCTGCGGGTGGGAGGTNGGCTCCTGTCCCCCTCG
CGGCTCCCGTCTAGTTGGGGTCTACTGACCCCCGGCGTAGGTACGCAATTTGGGTAA
GGTCATCGATACCCCTCACGTGTTGNTTCGCCGACCTCATGGGGTACATACCG

34/74

Fig. 3G

SEQ ID NO. 61 (CAM1078, 1e)

CTCAACGGTCACTGAAGCTGATATCCGAACAGAGGAGTCCATATACCAATGCTGTGACCTGCACCC
CGAAGCACGTGTAGCCATCAAGTCTTTGACTGAAAGGCTGTACGTCCGGGGGCCCTTGACCAATTC
AAAAGGGGAGAACTGCGGCTATCGCAGATGCCGTGCCAGCGGCGTCTTGACAACAGCTGCGGCAA
CACCTCACCTGCTATATCAAGGCCCTAGCAGCCTGTAGAGCTGCCAAGCTCCAGGACTGCACCAT
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTGGTCTGTGATCTGCGAGAGTGTAGGGACCCAGGAGGATGCGCGGAG
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 63 (FR2, 1f)

NTCAACAGTCACTGAGAGTGATATCCGTACAGAGGAGTCCATCTACCAATGCTGTGATCTAGACCC
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAGGTCCCTCACAGAGAGGCTTTATATCGGGGGTCCCTGACAAACTC
AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGCGATGCCGTGCAAGCGGCGTCTTGACGACTAGCTGCGGCAA
CACCTCACCTGTTACATAAAGGCCAGGGCAGCCTGTGAGCTGCGAAGCTCCAGGATTGCTCAAT
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTTGTGCTTATCTGCGAGATCGAGGGENTCCANGAGGATCCGTCGAN
NNNNNNNNNN

SEQ ID NO. 65 (FR16, 1g)

CGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAACCAAACGTAACATC
AACCGCGCGCCACAGGACGTCAAGTTCCTGGGGCGGTGGCCAGATCGTCCGTGGAGTTTAC
CTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGGCACTAGGAAGACTTCCGAGCGG
TCGCAACCTCGTGGGAGGCGALAGCCTATCCCCAAGGCTCGCCGATCCGAGGGCAGGTCC
TGGGCTCAGCCCGGGTACCTTTGGCCCCCTCTATGGCAATGAGGGCATGGGTTGGGCGAGGG
TGGCTCCTGTCCCCCATGGCTCCCGGCTAGTTGGGGCCCCCTCAGACCCCCGGCGTAGG
TCGCGTAATTTGGGTAAGGTCAATGATACCCCTCACATGCGGCTTCGCGGACCTCATGGGG
TACATTCGCTCGTCCGGCGCCCCCTAGGGGGCGTTGCCAGGGCCCTGGCGCAAGGCTTC
CGGATCTACCACGTACCAACGATTGTTCCAATGGGAGCATTGTGTATGAGGCGGAAGG
CATGATCATGCATCTCCCCGGGTGCGTGCCCTGCGTTCGGGAAGGTAATATCTCTCGTTG
CTGGGTACCTTTTCCCCCAGGCTCGCAGCCAGGAATGCTAGCGTCCCCACTCAGGCAAT
TCGGCGACAGCTCGACTTGCTTGTGGGGCGGCCACACTCTGTTCTGCTATGTATGTGGG
GGACCTCTGTGGGTCCGTCTTCTCGTCCGCAACTGTTACCTTCACAWCCCGCCAGNA
CTACACAGTGCAAGACTGCAATTGTTCCATCTACCCCGGCCATATAACGGG

SEQ ID NO. 67 (FR16, 1g)

NNNNNNNGTCACTGAGAGTGATATCCGTGTGAGGAGTCAATTTACCAATGCTGTGACCTGGCCCC
CGAGGCTCGCGTAGCCATAAAGTCCGTCACTGAGCGGCTATATGTGGGGGGCCCTCTACCAACTC
AAAAGGACAGAACTGCGGCTATCGCCGGTGCCGTGCGAGCGGTGTGCTGACTACTAGCTGCGGTAA
CACCTCACATGCTACCTGAAAGCCGCGCGGCTGTGAGCTGCAAGCTCCGGGAATGCACAAAT
GCTCGTGTGTGGCGACGACCTCGTCTTATCTGTGAGAGTCCGGGGTCCAGGAGGATGCTGCAAG
CCTNNNNNNNN

SEQ ID NO. 69 (BNL3, 2e)

CTCGACAGTCACAGAGAGAGATATAAGNACTGAGGAGTCCATATACCAGGCTTGTTTCCTTACCCGA
GCAGGCCAGAACTGCCATACACTCATTGACTGAGAGACTCTACGTAGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAAGGGCAATCCTGCCGATACAGGCATTGCCGCGCCAGCGGAGTGTACACCACAGTATGGGGAA
TACCATCACGTGCTACATCAAGGCCCTAGCGGCTTGTAAGCAGCAGGAATAGTGGCCCCCACCAT
GCTGGTGTGCGGCGATGACCTAGTTGTCTATCTCAGAGAGTCCAGGAGTCCAGGAGGACGACCGGA
CCTGANNNNN

35/74

Fig. 3H

SEQ ID NO. 71 (FR4, 2f)

CTCAACCGTCACAGAGAGGGATATAAGAACTGAGGAGTCCATATACCTGGCCTGCTCCTTACCCGA
GCAGGCCCGGACTGCCATACATTCACTTAAGAGAGACTTTACGTGGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAAGGGCAGTCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCTAGCGGAGTGCTCACCACCAGTATGGGGAA
CACCATCACGTGTTATGTGAAAGCCCTCGCAGCTTGTAAAGCTGCGGGCATTGTTGCCCCCAGCAT
GCTGGTGTGCGGCATGACCTGCTTGTATCTCAGAGAGTCAGGGGGCTGAGGAGGACGAGCGAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 73 (BNL5, 2h)

CTCAACAGTCGCGGAGAGAGACATCAGGACCGAGGAGTCCATTTACCTTGCTGCTCCTTACCCGA
GCAAGCCCGAAGTCCCATACATTCACTTAAGAGAGACTTTACGTAGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAAGGGACAGTCTGCGGTTACAGACGTTGCCGCGCCAGCGGAGTGCTCACCACCAGCATGGGGAA
TACCATCACATGCTATGTGAAGGCATTAGCTGCTGCAAAGCTGCAGGCATCGTTGCTCCACGAT
GCTGGTTTTGTGCGCAGCATCTGGTCACTATCTCAGAGAGTCAGGGGAACCGAGGAGGATGAGCGGAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 75 (FR13, 2k)

CGNACANCCCTCCAGGCCCCCCCCCTCCCGGGAGAGCCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCCGGAAGACTGGGTCCCTTTCTTGATAAACCCTCTATGCCCGGC
CATTTGGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTARCCGAGTAGCGTTGGGTTGCGAAAGGCCTTG
TGGTACTGCTGATAGGGTGCTTGCGAGTGCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGATCAT
GAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACAAAAGAAACACTAACCGCCGCCACAGGA
CGTTAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTGCCNTGCAGGGG
NCCAGGTNGNGTNTATGCGCAACGANGAAGACTNCCGAACAGTCCAGCCACGTGGGAG
GCGCCAGCCCCATCCGAAAGATCGGNGCACCCTGCAAGTCTTGGGACGTCCAGGATA
TCCCTGGCCCCCTGTATGGGAACGAGGGCCTCGGGTGGGCAGGGTGCTCCTGTCCCCCG
GGGCTCCCGCCCGTCATGGGGCCCCACGGACCCCGGCATAGGTGCGCAACTTGGGTAA
GGTCATCGATACCCCTACGTCNCGGCTTTNCCGACCTCATGGGGTACATTCCCGTCGTTGG
CGCCCCAGTAGGNGGCGTCCGACAGCTCTCGCGCATGGCGTGAGAGTCTTGGAGGACGG
GATAAATATGAAACAGGGAACCTCCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTCCCTCCTTGCTCT
TCTGCTCTGAATTACCGNGCCAGTTTCTGCTGTGGAAATCAAAAACACCAGMAACACATA
CATGGTGAATAACGACTGTTCAAACAGYAGCATCACCTGGCAGCTTNNGNNGCGGGTGCT
TCACGTTCTGGATGCGTCCCTGTGAACGAGAGGGCAACAGTTCCCGGTGCTGGATTCC
AGTCACGCCCCRACGTAKNCGTGAGCCGACCTGGTGCCCTAACCGAGGGTTTGCGATCGCA
CATCGACACCATCGTAGCGTCCGCAACATTTTGTCTGCCCTCTACATAGGGGATGTATG
TGGCGCGATAATGATAGCTGCCCAAGTGGTCATGCTCTCGCCGGAGCATCATCACTTTGT
CCAGGACTGTAAGTGTTCATCTACCCGGGCCACATAACGGGGCTCGTATGTNG

SEQ ID NO. 77 (FR13, 2k)

ATCCACAGTCACTGAAAGAGACATCAGAGTTGAAGAGTCCGTTTATCTGTCCTGTTCACTTCCCGA
GGAGGCCCGAGCTGCCATACACTCACTAAGTGAAGAGGCTGTACGTGGGAGGTCCCATGCAGAACAG
CAAGGGGCAATCCTGCGGATACAGGCGCTGCCGCGCCAGCGGGGTGCTCACCCTAGCATGGGGAA
TACTCTCACATGCTACTTGAAGGCCCCAGGCGGCCTGCAGGGCCGCGGGCATTGTTGCCCCACAAT
GCTGGTGTGTGGCGACGACCTGGTCTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACTGAGAGGGACGAGAACAA
CCTGAGACCT

36/74

Fig. 3I

SEQ ID NO. 79 (FR18,21)

CTCAACAGTCCACGGAGAGGGACATCAGGAATGAGGAGTCCATATTCCTGGCCTGCTCGTTGCCCGA
GGAGGCCCCGACTGTACATACATTGCTCACTGAGAGACTCTACATAGGCGGGCCGATGATGAACAG
CAAAGGCCAGTCCCTGTGGATACAGGCGTTGTCGCGCCAGCGGGGTGTTACCACTAGCATGGGCAA
TACCATCACGTGCTATGTGAAAGCCATGGCAGCTTGCAAGAGCTGCCGGGATTGACGCCCCACAAT
GTTGGTATGTGGCGACGACCTGGTGGTCACTCAGAGAGTCAAGGGACCGAGGAGGACGAGCGAAA
TCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 81 (PAK64,3g)

CTCTTGACTCTACTGTCACTGAACAGGATATCAGGGTAGAAGAAGAAATATACCAATGTTGTGACC
TTGAGCCCGGAGGCTAGACGGGCAATCAAATCGCTCACGGAACGGCTTTACGTTGGAGGTCCCATGT
TCAACAGCAAGGGGCTCAAATGCGGATATCGCGTTGCCGTGCTAGCGGTGTTATGCCCCACTAGCT
ACGGTAATACAATCACCTGCTACATCAAGGCCAGAGCGGCTGCTGAGCTGCCGGCCTTCAAGACC
CATCATTCCCTTGTCTGCGGAGATGATTTGGTGGTAGTGGCTGAGAGTTGCCGKCTTGATGAGGAGG
ATAGGGCAGC

SEQ ID NO. 83 (BNL8,4k)

CTCCACTGTAAACCGAAAAGGACATCAGGCCCCGAGGAAGAGGTCTATCAGTGTGTTGACCTGGAGCC
CGAAGCTCGCAAGGTTATTACCGCCCTCACAGAAAGACTCTACGTGGGCGGCCCCATGCACAACAG
CAAGGGAGACCTTTGTGGGTATCGGAGATGCCGCGCAAGCGGCTCTACACGACCCAGCTTCGGAAA
CACACTGACGTGCTACCTCAAAGCCTCAGCTGCTATTAGAGCGGCAGGGCTGAGAGACTGCACCAT
GCTGGTTTGCGGTGACGACTTGGTCGTATCGCTGAGAGCGATGGCGTAGAGGAGGATACCGAGC
CCTCCNAGCC

SEQ ID NO. 85 (BNL12,41)

CTCCACGGTGACTGAAAAGGACATCAGGGTCGAGGAAGAGATCTATCAATGTTGTGACCTGGARCC
CGAAGCCCCGCAAGCAATATCCGCCCTCACAGAGAGCTCTATGTGGGCGGCCCCATGTATAACAG
CAAAGGGGAGCTCTGCGGGTATCGGAGGTGCCGCGCAAGCGGCTCTACACCAAGTTTCGGGAA
CACAGTGACCTGCTATCTTAAGGCCACCGCAGTACCAGGGCTGCAGGCCCTAAAGACTGCACCAT
GCTGCTCTGCGGTGACGACTTGGTCGTATCGCTGAGAGCGATGGCGTAGAGGAGGATTCCTCAACC
CCTCCGAGCC

SEQ ID NO. 87 (EG81,4m)

CTCCACCCTAACCGAAAAGGACATCAGGGTCGAGGAGGAGGTCTATCAGTGTGTTGATCTGGAGCC
AGAGGCCCCGCAAGGCAATATCCGCCCTCACGGAGAGACTCTATGTGGGCGGTCCCATGTTTACAG
CAAGGGAGACCTATGTGGCTACCGCAGGTGCCGCGCAAGCGGCTCTACACCAAGCTTCGGAAA
CACACTGACCTGCTACCTCAAAGGCCACGGCCGTACCAGAGCGGCGGCTGAAGGATTGCACAAT
GCTGGTTTGGGGGACGACCTGGTCGTATCGCAGAGAGCGATGGCGTGACGAGGACCGCGGAGC
CCTCCAAGCT

SEQ ID NO. 89 (VN13,7a)

CTCAACAGTCCACAGAGCGCGATGTCCAGACGGAGCATGACATCTACCAGTGTGTAAGTTGGAGCC
CGCAGCACGGACAGCCATCACATCGCTTACTGACCGATTGTACTNCGGTGGTCCCATGTNTAACTC
TAAAGGTCAAGGCATGTGGATACCGTAGGTGCAGGGCCAGTGGCGTCTTGACCAACCATCCTGSCCA
TACTCTGACTTGCTACTTGAAGCTCAGGCGGCATGCAGAGCTGCCGGGCTGAAGGACTTTGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTTGTCTTATTTCCGAGAGTTTGGGGTCTTCGAGGACACTAGTGC
ACTGCGAGCT

37/74

Fig.3J

SEQ ID NO. 91 (VN4,7c)

CTCGACAGTCAACGAGCGGACATCCRCACCGAGCAGACATCTACCAATGCTGCCAACTTGACCC
GGTGGCAGCGCAAGGCTATTACATCTCTGACTGAGCGGCTGTACTGCGGWGGGCCCCATGATGAATC
CCGTGGTCAATCATGTGGATACCGTAGGTGCCGAGCCAGTGGCGTGCTCACCAGAGCTTGGGCAA
TACCCTAACATGCTATTTGAAAGCACAGCAGCGTGTAGGGCAGCAAGCTCAAAAACCTATGACAT
CTTACTCTGCGGAGACGATCTAGTCGTTATCGCGGAGAGTGGAGGAGTCTCTGAGGATGTTGACGC
CCTGCGAGCA

SEQ ID NO. 93 (VN12,7d)

CTCCTCCCTCACGGAGCGTGACATCCGCACTGAACAGACATCTATCAGTGCTGCCAATTAGATCC
GGTAGCAGCGAAAGCCATTACATCTCTTACTGAGCGGCTGTACTGCGGGCGGCCCCATGTACAATC
TCGAGGTCACTCATGTGGGTACCGCAGGTGCCGGGCTAGTGGTGTCTTACCACAGCTTGGGCAA
CACCATGACATGCTACCTGAAGGCTCAGGCGGCTTGTAGGGCAGCRAAGCTCAAAAACCTTGTACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTAGTCGTTATTGCTGAGAGCGGAGGAGTCCCTGAGGATGCCGGGGC
CCTGCGAGTC

SEQ ID NO. 95 (FR1,9a)

ATCCACAGTCAACGGGGCGGACATACGCACAGAACNAGACATTTACCTGTCTGCCAGCTCGACCC
AGAGGCCCCGAAAGCCATAAAGTCTCTCACTGAGAGGCTCTATGTGCGGGGCCCCATGTACAATC
AAAGGGCCAACTCTGTGGTCAACGCCGATGCCGAGCAAGCGGAGTACTCCCCACAAGCATGGGTAA
CACCATCACATGCTTCTGTAAGGCAACCGCGCTTGGCGAGCAGCCGGCTTTACAGATTATGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGATTTGGTTGTCGTAAGTGAAGTGTGAGTCAACGAGGATATCGCTAA
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 97 (NE98,10a)

CTCCACTGTCACTGAGCAGGACATCAGGGTAGAATTTCCATCTTTTCAAGCCTGTGACCTCAAGGA
CGAGGCTAGGAGGGTGATAACTTCACTCACGGAGCGGCTTTACTGTGGTGGTCTCTATGTTCAACAG
CAAGGGACAACACTGCGGTTACCGCCGCTGCCGTGCTAGTGGGGTGCTACCCACCAGCTTCGGGAA
CACATCACCTGTTACATCAAGCAAGGAGCTACCAAGCTGCCGGAATTAATAATCCATCAT
CCTTGTCTGCGGAGATGACTTGGTCTGATTGCTGAGAGTGCAGGGATCGATGAGGACAAGAGCGC
CTTGAGAGCT

SEQ ID NO. 99 (FR14,11a)

CTCTACCGTCACAGAGAGGGACATACGGACAGAGAATCCATCTATCTGTCTTGTCAATTGCCTGA
AGAGGCCCCGAAAGCCATTAAATCGCTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGCTTGGGGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTACATCAAGCTAAAGCGGCTTGTAAAGCCGCTGGCATTTGTAGACCCGCTGAT
GCTCGTGTGCGGTCACGACCTAGTGGTCTATCTCAGAAAGCAAGGGGTGGAGGAGGACCAGCGGA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 101 (FR15,11a)

CTCCACTGTCACTGAGAGAGACATACGGACAGAGAATCCATCTATYTTGGCTTGTCAATTGCCCGA
AGAGGCCCCGAAAGGCCATTAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCCGATGGAAAACAG
CAAAGGCCAGGCTTGGGGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTACATCAAGGCCAARGCAGCTTGTAAAGCYGCTGGCATTTGTGACCCGCTGAT
GCTCGTGTGCGGCGACGACCTAGTGGTCTATCTCAGAGAGCAAGGGGTAGAGGAGGACCAGCGAGA
CCTAC

38/74

Fig. 3K

SEQ ID NO. 103 (FR19, 11a)
CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAGTACACC
GGAATTGCCGGGAAGACTGGGTCCCTTTCTTGGATTAAACCACTCTATGCCCGGAGATTGGGCGTG
CCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGCGTTGGGTTGCGAAAGGCCCTGTGGTACTGCCTGATAGGG
TGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAG
ACAAACCAAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGSACGTTAAGTTCCCGGGCCGTGGCCAGATCGT
TGGCGGGGTGTACTTGTTCGCGCGCAGGGGCCCCAGAGTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACCTC
GGAGCGGTCCCGAGCCCGTGGGAGGCGCCAACCTATCCCCAAGGTTAGGCGCACCAACCGGCCGTT

SEQ ID NO. 105 (FR19, 11a)
CTCTACTGTACAGAGAGGGATATACGAACAGAGGAATCCATYATCTGGCTTGTCAATTGCCCGA
AGAGGCCCGGAAGGCCATCAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGCCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTCACCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTACATCAAAGCCAGGCGGCTTGAAGCCGCTGCCATTGTTGACCCAGTGAT
GCTCGTGTGCGCGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAAAGCAAGGGGTGGAGGAGGACCAACGAGA
CCTACGANTC

SEQ ID NO. 2 (BNL1, 1d)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPXXXXXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRXGVRATRKTSERSQPRGRRQPIF
KAXRXEGRSWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRENWGP

SEQ ID NO. 4 (BNL1, 1d)
DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPTAHEVRNASGVYHVTNDCSNSSIIYEMDGMIMHYPG
CVPCVREDNHLRCWMALTPTLAVKXASVPTXAIRRHVDLLVGXXTFCSAMYVXDLCGSVFLAGQLF
TFSPRMHHTTQECNCISI

SEQ ID NO. 6 (BNL2, 1d)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRDRRQPIF
KARQSDGXWAQPGHPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGP

SEQ ID NO. 8 (BNL2, 1d)
DGVNYATGNLPGCSFSIFLLAFLSCLTVPTTAHEVRNASGVYHLTNDCSNSSIIYEMSGMILHAPG
CVPCVRENNSSRCWMXLPTLAVKDANVPTAAIRRHVDLLVGTAAFRSAMYVGDLCGSVFLVGQLF
TFSPRLYHTTQECNCISI

SEQ ID NO. 10 (CAM1078, 1e)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRARAKTSERSQPRGRRQPIF
KERRPEGR

SEQ ID NO. 12 (FR2, 1f)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIF
KARRPEGRSWAQPGYPWPPLYANEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPLVGAPLGGASRTLXHGVRVLXGGVXXXXXXNLXGCSXXIFLLXLLSCLTVPTSAYEVHSTT
DGYHVTNDCSNGSIVYEAKDIIILHTPGXVPCIREGNISRCWVPLTPTLAARIANAPIDEVRRHVDL
LVGAAVFCSAMYIGDLCCGVFLVGQLFTFTSRHWT
VQDCNCISIYSGHITGHXXX

SEQ ID NO. 14 (BNL3, 2e)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIF
KDRXATGRSWGRPGYPWPPLYGNEGLGAGWLLSPRGSRPSWG

SEQ ID NO. 16 (BNL3, 2e)
TCXXADLMGYXPVVGAPVGGXARALAXGVRVLEDGINYXTGNLPGCSFSIFXLALLSCVTVFVSVX
EVKNTSQAYMATNDCSNNSIVWQLXDAVLHVPGVPCENSSGRFHCWIPISPNIAVSKPGALTGKL
RARIDAVVMSATLCSALYVGDVCGAVMLAAQAFIVAPKRHYFVQECNCISIYPGHITGHRMA

39/74

Fig. 3L

SEQ ID NO. 19 (FR4, 2f)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRAPRKTSEERSQPRGRQPIF
KDRATGKSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRHRSNLGKVIDTLTCGFXD
LMGYIPVVGAPVGGVARALAHGVRVLEDGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAIQVKNNS
HFYMATNDCCANDSIVWQLRDAVLHVPVCPCERSGNRTFCWTAVSPNVAVSRPGALTRGLRAHIDT
IVMSATLCSALYIGDLGAVMIAAQVAVVSPQYHTFVQECNCISIYPGHITGHRMX

SEQ ID NO. 20 (BNL4, 2g)
DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCVTVPVSAVQVKNTSTMYMATNDCSNNSIIVQMGGAVLHVP
CVPCELQGNKSRWCIPVTPNVAVNQPGALTRGLRTHIDTIVMVATLCSALYIGDVCGAVMIAAQVV
IVSPQHNFSDQCNCISI

SEQ ID NO. 22 (BNL5, 2h)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGRSLAETCARRGKLRSSMG

SEQ ID NO. 24 (BNL5, 2h)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAVQVKNTSHSYMVTNDCSNNSIIVWQLKDAVLHVP
CVPCEHQNQSRWCIPVTPNVAVSQPGALTRGLRTHIDTIVASATVCSALYVGDGAVMLVVSQFF
MISPOHHIFVQDCNCISI

SEQ ID NO. 26 (BNL6, 2i)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAVQVANRSGSYMVTNDCSNNSIIVWQLEEAHLHVP
CVPCEWKDNTSRCWIPVTPNLAVSQPGAXTKGLRTHIDIIVASATFCSALYV

SEQ ID NO. 28 (BNL7, 4k)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRQPIF
KARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSR

SEQ ID NO. 30 (BNL7, 4k)
DGINFATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNVSGIYVVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPVREGNQSRCWVALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDXCXGLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 32 (BNL8, 4k)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNTSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPVRTGNQSRCWVALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLGGLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 34 (BNL9, 4k)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYHNTSGIYHITNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPVVRVGNQSSCWVALTPTIAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLGGAFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 36 (BNL10, 4k)
DGINYATGNLPGCXFSIFLXALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPVVRVGNQSRCWVALTPTVAAPYTAAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGXLCGGLFLVGQMF
SXQPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 38 (BNL11, 4k)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVFEADHHILHLP
CVPVKEGNHNSRCWVALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLGGLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 40 (BNL12, 4l)
DGINYATGNLPGCSFSIFILALLSCLTVPASAQHYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYESDHHILHLP
CVPVKTGNTSRCWVALTPTVAAPILSAPLMSVRHVDLMVGAATLSSALYVGDLCGGAFLVGQMF
TFQPRRHWTQDCNCISI

40/74

Fig. 3M

SEQ ID NO. 46 (VN13, 7a)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPQDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQPRGRROPIPK
KVRHQGTGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPXGSRPNWGPNDPRXSRNLGKVIDTLTXXFAD
LIEY-

SEQ ID NO. 44 (VN4, 7c)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPQDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQPRGRROPIPK
KVRHQGTGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPVVGAPXGGVAXALAHGVXXIEDXVNYATXNLPXXSXSLXLLALLSCLTTPASAAHYTNKS
GLYHLTNDPCNSSIVYEATLILALPGCVPCVKXNQSRQVQASPTLAVPNASTPVTGFRKHVDI
MVGAAAFCSAMYVGDLCGGFLVGLFTLRPRMHQVQECNCSTYTGHITGHRMA

SEQ ID NO. 48 (VN12, 7d)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPMDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQARGRRQPIPK
KVRQNOGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPDWXPNDPRXSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMEYIPVVGAPLGGVAAELXHGVR AIEDGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTTPASALNYANKS
GLYHLTNDPCNSSIVYEANGMILHLPGCVPCVKTGNLTKCWLSPASPTLAVQNASVSIRGVREHVDL
LVGAAAFCSAMYVGDLCGGFLVGLFTFRPRMYEIAQDCNCSTYAGHITGHRMA

SEQ ID NO. 42 (FR1, 9a)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPMDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQPRGRROPIPK
KVRQPTGRSWGQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTXXLAD
LMGYIPVLGGPLGGVAAALAHGVRAIEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTTPASAIQVKNAS
GIYHLTNDCSNNSIVFEATMILHLPGCVPCIKAGNESRCWLPVSPPTLAVPNSSVPIHGFRRHVDL
LVGAAAFCSAMYIGDLCSIIIVGLFTFRPKYHQVTQDCNC SXNXGHVTGHRMA

SEQ ID NO. 50 (NE98, 10a)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPQDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQPRSRROPIPK
RARRTEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRR

SEQ ID NO. 52 (NE98, 10a)

DGINFATGNLPGCSFSIFLLALFSCLLTPTAGLEYRNASGLYMTNDCSNGSIVYEAGDIILHLPG
CVPCVRSGNTSRCWIPVXSXTVAVKSPCAATASLRTHVDMVXAATLCSALYVGDLCGALFLXGQGF
SWRHRQHWTVQDCNCST

SEQ ID NO. 54 (BNL1, 1d)

STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARKAIKSLTERLYIGGXLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYLKARAACRAAKLRDCTMLVCGDDL VVICESAGVEEDAANLRA

SEQ ID NO. 56 (BNL2, 1d)

STVTENDIRTEXSIYQCCDLAXEARKAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYLKARAACRAAKLQDCTMLVCGDDL VVICESAGVEEDAANLRV

SEQ ID NO. 58 (FR17, 1d)

STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARKAIKSLTERLYIGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYLKARAACRAAKLQDCTMLVCGDDL VVICESXGVEEDAANLRV

41/74

Fig. 3N

SEQ ID NO. 60 (CAM1078, 1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPARGPRLGVRAARKTSERSQPRGRRQPIPKERRPEGRSWAQPYPWPLYGNEGCGWAGXLLSPRGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCKFADLMGYIP

SEQ ID NO. 62 (CAM1078, 1e)

STVTEADIRTEESIQCCDLHFEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGENCYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYIKALAAACRAAKLQDCTMLVCGDDLVLVICESVGTQEDAASLRA

SEQ ID NO. 64 (FR2, 1f)

STVTESDIRTEESIQCCDLDEARKAIRSLTERLYIGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYIKARAACRAAKLQDCSMLVCGDDLVLVICEIEGXXEDPSXXX

SEQ ID NO. 66 (FR16, 1g)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPARGPRLGVRAARKTSERSQPRGRRQPIPKARRSEGRSWAQPYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPHGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGVARALAQGFRL

SEQ ID NO. 68 (FR16, 1g)

XXVTESDIRVEXSIYQCCDLAPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYLKAAAACRAAKLRECTMLVCGDDLVLVICESAGVQEDAASXXX

SEQ ID NO. 70 (BNL3, 2e)

STVTERDIXTEESIQACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGN
TITCYIKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVLVISESQGVEEDDRNLXX

SEQ ID NO. 72 (FR4, 2f)

STVTERDIRTEESIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGN
TITCYVKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVLVISESQGAEDERNLRV

SEQ ID NO. 74 (BNL5, 2h)

STVAERDIRTEESIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGN
TITCYVKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVIISESQGTEEDERNLRV

SEQ ID NO. 76 (FR13, 2k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLLXCRXPRXXXCATXKTXEQSQPRGRRQPIPKDRXTTGKSWGRPGYPWPLYGNEGLWAGWLLSPRGSRPSWGPTDPRHRSRNLGKVIDTLTXGFXDLMGYIPVVGAPVXGVARALAHGVRVLEDGINYETGNLPGCSFSISLLALLSITXPVSAVEIKNTXNTYMTNDCSNXSITWQLXXAVLHVPGCVPCEREGNSSRCWIPVTPXVXVSRPGALTEGLRSHIDTIVASATFCSALYIGDVCAGMIAAQVVIVSPEHHHFVQDCNCSIYPGHITGPRMX

SEQ ID NO. 78 (FR13, 2k)

STVTERDIRVEESVYVLSLPEEARAAHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGN
TLTCYLKAAACRAAGIVAPTMLVCGDDLVLVISESQGTERDENNLRP

42/74

Fig.30

SEQ ID NO. 80 (FR18,21)

STVTERDIRNEESIFLACSLPEEARTVIHSLTERLYIGGPMNSKGQSCGYRRCRASGVFTTSMGN
TITCYVKAMAACRAAGIDAPTMLVCGDDLVISESQGTEDERNLRV

SEQ ID NO. 82 (PAK64,3g)

STVTEQDIRVEEEIYQCCDLEPEARRAIKSLTERLYVGGPMFNSKGLKCGYRRCRASGVLPSTSYGN
TITCYIKRAAARAAGLQDPSFLVCGDDLVVVAESCXVDEEDRAALR

SEQ ID NO. 84 (BNL8,4k)

STVTEKDIRVEEEVYQCCDLEPEARKVITALTERLYVGGPMHNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSTFGN
TLTCYLKASAAIRAAGLRDCTMLVCGDDLVIASDGVVEDNRALXA

SEQ ID NO. 86 (BNL12,4l)

STVTEKDIRVEEEIYQCCDLXPEARKAISALTEXLYLGGPMYNSKGELCGYRRCRASGVYTTSTFGN
TVTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVIASSEGVEEDSQPLRA

SEQ ID NO. 88 (EG81,4m)

STVTERDIRVEEEVYQCCDLEPEARKAISALTERLYVGGPMFNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSTFGN
TLTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVIASDGVVEDRRALQA

SEQ ID NO. 90 (VN13,7a)

STVTERDVQTEHDIYQCCLEPAARTAITSLTDRLYXGGPMXNSKGQACGYRRCRASGVLTITILAN
TLTCYLKQAACRAAGLKDFDMLVCGDDLVISESGLVSEDTSALRA

SEQ ID NO. 92 (VN4,7c)

STVTERDIXTEHDIYQCCQLDPVARKAITSLTERLYCXGPMNSRGQSCGYRRCRASGVLTITSLGN
TLTCYLKQAACRAAKLKNYDMLVCGDDLVIASGGVSEDDVALRA

SEQ ID NO. 94 (VN12,7d)

SSVTERDIRTEHDIYQCCQLDPVARKAITSLTERLYCGGPMYNSRGQSCGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYLKAQAACRAKXKLNFDMLVCGDDLVIASGGVPEDAGALRV

SEQ ID NO. 96 (FR1,9a)

STVTGRDIRTEXDIYLSQOLDPEARKAIKSLTERLYVGGPMYNSKGQLCGQRRCRASGVLPSTSMGN
TITCFLKATAACRAAGFTDYDMLVCGDDLVVVTESAGVNEDIANLRA

SEQ ID NO. 98 (NE98,10a)

STVTEQDIRVELSIFQACDLKDEARRVITSLTERLYCGGPMFNSKGQHCGYRRCRASGVLPSTFGN
TITCYIKAKAATKARGIKNPSFLVCGDDLVIASAGIDEDKSALRA

SEQ ID NO. 100 (FR14,11a)

STVTERDIRTEESIYLSQOLDPEARKAIKSLTERLYVGGPMNSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKACKAAGTVDPMVLVCGDDLVIASESKGVEEDQORDLRV

43/74

Fig. 3P

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 102 (FR15,11a)

STVTERDIRTEESIXXACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAXAACKXAGIVDPVMLVCGDDLVI SESKGVEEDQORDLXX

SEQ ID NO. 104 (FR19,11a)

MSTNPKPQRQTKRNTNRRPQDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRVGVRATRKTSESRQPRGRQPIIP
KVRRTTGR

SEQ ID NO. 106 (FR19,11a)

STVTERDIRTEESXYLACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVI SESKGVEEDQORDLRX

44/74

Fig. 4A Core/E1 amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	50
HCV-1	1a	229	MSTNPKPQKKNKRNTRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRGPRLGVRATR
HCV-J	1b	230	-----R-T-----
BNL1	1d	2	-----R-T-----XXXXX-----X-----
BNL2	1d	6	-----R-T-----X-----
CAM1078	1e	10/60	-----R-T-----V-----A-----
FR2	1f	12	-----R-T-----
FR16	1g	66	-----R-T-----I-----
HC-J6	2a	231	-----R-T-----
HC-J8	2b	232	-----R-T-----
CH610	2c	233	-----R-T-----
NE92	2d	234	-----R-T-----
BNL3	2e	14	-----R-T-----
FR4	2f	18	-----R-T-----
FR13	2k	76	-----R-T-----XC-X-XXXC-X
EB1	3a	247	-----R-T-----I-----V-----C-----
NZL1	3a	248	-----R-T-----I-----V-----
HCV-TR	3b	235	-----R-T-----L-----N-----V-----
GB358	4c	249	-----R-T-----M-----
DK13	4d	236	-----R-T-----M-----
CAM600	4e	237	-----R-T-----M-----
GB809	4e	238	-----L-R-T-----M-----
HPCCOREZA	4?	250	-----T-----
HPCCOREZB	4?	251	-----M-----
HPCCOREZC	4?	252	-----M-----
GB724	4?	253	-----R-T-----M-----
BNL7	4k	28	-----R-T-----M-----
BE95	5a	239	-----R-T-----M-----
HK2	6a	240	-----L-----R-T-----T-----
VNI3	7a	46	-----L-----R-T-----
VN4	7c	44	-----L-----R-T-----I-----
VNI2	7d	48	-----L-----R-T-----M-----
FR1	9a	42	-----L-----R-T-----M-----
NE98	10a	50	-----L-----R-T-----X-----V-----Q-----V-----
FR19	11a	104	-----RQT-----V-----

45/74

Fig. 4B

Isolate	Type	SEQ ID	Core-V	51	100
HCV-1	1a	229	KT SERSQPRGRROPIPKARRPEGRRTWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSP		
HCV-J	1b	230			
BNL1	1d	2			
BNL2	1d	6			
CAM1078	1e	10/60			
FR2	1f	12			
FR16	1g	66			
HCV-J	2a	231			
HCV-J	2b	232			
CH610	2c	233			
NE92	2d	234			
BNL3	2e	14			
FR4	2f	18			
FR13	2k	76			
EB1	3a	247			
NZL1	3a	248			
HCV-TR	3b	235			
GB358	4c	249			
DK13	4d	236			
CAM600	4e	237			
GB809	4e	238			
BNL7	4k	28			
HPCCOREZA	4?	250			
HPCCOREZB	4?	251			
HPCCOREZC	4?	252			
GB724	4?	253			
BE95	5a	239			
HK2	6a	240			
VN13	7a	46			
VN4	7c	44			
VN12	7d	48			
FR1	9a	42			
NE98	10a	50			
FR19	11a	104			

46/74

Fig. 4C

Isolate	Type	SEQ ID	101	150
HCV1	1a	229	RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGA	PLGGAARA
HCV-J	1b	230	-----	-----
BNL1	1d	2	-----N---	-----
BNL2	1d	6	-----	-----
CAM1078	1e	10/60	-----X-----	-----
FR2	1f	12	-----N-----	-----S-T
FR16	1g	66	H-----S-----	-----V
HC-J6	2a	231	-----N-H-----V-----	-----V
HC-J8	2b	232	-----T-----H-----R-----I-----	-----V
CH610	2c	233	-----H-----	-----V
NE92	2d	234	-----H-----	-----V
BNL3	2e	14	-----SEQ ID NO: 16	-----X
FR4	2f	18	-----N-H-----	-----V
FR13	2k	76	-----H-----	-----V
HCV-TR	3b	235	-----N-----F-----	-----V
GB116	4c	241	-----	-----V
DK13	4d	236	-----N-----	-----V
CAM600	4e	237	-X-X-N-X-----	-----V
GB809	4e	238	-----N-----	-----V
G22	4f	242	-----	-----V
GB549	4g	243	-----	-----V
GB438	4h	244	-----	-----V
BNL7	4k	28	-----N-----	-----V
BE95	5a	239	-----N-N-K-----	-----G-I-V
HK2	6a	240	-----H-N-----	-----V
VNI3	7a	46	X-----N-N-X-----XX-----IE-----	-----V
VNI4	7c	44	-----N-N-----	-----V
VNI2	7d	48	-----D-X-N-X-----	-----X
FR1	9a	42	-----N-N-----	-----E
NE98	10a	50	-----N-----	-----VL-G

Fig. 4D

Isolate	Type	SEQ ID	V1	200
HCV1	1a	229	LAHGVRVLE	DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL
HCV-J	1b	230	---	---I---E---VS-I
BNL1	1d	4	---	---XT-HE---AS-V
BNL2	1d	8	---	---F---TT-HE---AS-V
FR2	1f	12	X-XXXXX-X-XX-X-	E-HST-DG
FR16	1g	66	-Q-F-D-	---
HC-J6	2a	231	---	---F---I-T-V-AE-K-ISTG
HC-J8	2b	232	---	---I---V---V-VE---ISS
CH610	2c	233	---	---I---S---IS-V-VE-K-TSTS
S83	2c	254	---	VE-KDTGDS
NE92	2d	234	---	---I---V-GL-K-TSSS
BNL3	2e	16	X----	---X---V-V-XVE-K-TSQA
FR4	2f	18	---	---I---V-I-K-NSHF
BNL4	2g	20	---	---V---V-K-TSTM
BNL5	2h	24	---	---I---V-K-TSHS
BNL6	2i	26	---	---I---V-V-A-RS-S
FR13	2k	76	---	---I-E---S---/I-X-V-VEIK-TXNT
BR36	3a	255	---	LEW-TS-
HCV-TR	3b	235	---	A-G----
Z4	4a	256	---	---
GB809-4	4a	257	---	EHY-AS-I
Z1	4b	258	---	EHY-AS-I
GB116	4c	241	E----	AV-I----
GB215	4c	259	---	---
GB358	4c	260	---	---
DK13	4d	236	---	---
CAM600	4e	237	L----	---
GB809-2	4e	238	---	---
CAMG22	4f	261	---	---
CAMG27	4f	262	---	---
GB549	4g	243	---	---
GB438	4h	244	---	---
BNL7	4k	30	---	---
BNL8	4k	32	---	---
BNL9	4k	34	---	---
BNL10	4k	36	---	---

Fig. 4E

BNL11	4k	38		-I--X-	TNY-VS-I
BNL12	4l	40		-I-	QHY-VS-I
BE95	5a	239		-----I	VPY-AS-I
BE100	5a	263		-----	VPY-AS-I
HK2	6a	240		---AI---	T-LTYG-S
VN4	7c	44		--XXI-X-	X-XX-X-X-T-AHVT-KS-
VN12	7d	48		X---AI-I-	X-T-LNYA-KS-
FR1	9a	42		---AI---	T---I-K-AS-I
NE98	10a	52		--IF----	F-LT-TAGLEY-AS-

49/74

Fig. 4F

Isolate	Type	SEQ ID	V1	V2	V3	V4
			201			250
HCV-1	1a	229	YHVTNDCPNSSIVYEADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMTPTVATRD			
HCV-J	1b	230	-----S-----M-----S-----F-----L-----L-A-N			
BNL1	1d	4	-----S-----I-----MDGM-M-Y-----D-HL-----M-L-----L-VKX			
BNL2	1d	8	-----L-----S-----I-----MSGM-A-----N-S-----MXL-----L-VK-			
FR2	1f	12	-----S-G-----K-I-----X-I-----I-----PL-----L-A-I			
HC-J6	2a	231	-----M-----T-D-TWQLQA-V-V-----E-KV-T-----IPVS-N-VQO			
HC-J8	2b	232	-----Y-----S-N-TWQLT-V-L-----E-KV-T-----IPVS-N-VKX			
CH610	2c	233	-----M-----S-----WQLEG-V-----E-KI-----PVS-N-I-Q			
S83	2c	254	-----M-----S-----WQLEG-V-----E-TA-V-----PVA-NL-ISQ			
NE92	2d	234	-----M-----Q-----WQLR-V-V-----E-EK-I-----IPVS-NI-VSQ			
BNL3	2e	16	-----MA-----S-N-WQLX-V-V-----ENSGRPH-IPIS-NI-VSK			
FR4	2f	18	-----MA-----A-D-WQLR-V-V-----E-S-RTF-T-VS-N-VSR			
BNL4	2g	20	-----MA-----S-N-IWQM-Q-V-V-----E-LQ-K-----IPV-N-VNQ			
BNL5	2h	24	-----M-----S-----WQLK-V-V-----E-HQ-Q-----IPV-N-VSQ			
BNL6	2i	26	-----M-----S-----WQLEE-V-V-----E-KD-T-----IPV-NI-VSQ			
FR13	2k	76	-----M-----S-X-TWQLXX-V-V-----E-S-----IPV-X-XVSR			
BR36	3a	255	-----VL-----S-----D-V-----I-QD-T-T-TPV-----VKY			
HCV-TR	3b	235	-----VL-----S-G-----E-V-L-----TT-Q-S-TTVST-----V-T			
Z4	4a	256	-----I-----DHH-----L-----MT-T-----TPV-----VAH			
GB809-4	4a	257	-----I-----V-TDHH-----L-----A-V-----TPV-----AVS			
Z1	4b	258	-----I-----T-----TEHH-M-L-----TE-T-----PL-----APY			
GB116	4c	241	-----I-----DHH-----L-----L-V-Q-----L-----APY			
GB215	4c	259	-----I-----DHH-----L-----L-V-Q-----L-----LS-----APY			
GB358	4c	260	-----I-----TEHH-----L-----L-V-Q-----L-----APY			
DK13	4d	236	-----I-----TDYH-----L-----L-V-Q-----K-T-----SL-----AQH			
CAM600	4e	237	-----I-----A-----TENH-----L-----T-Q-----L-----SPY			
GB809-2	4e	238	-----I-----A-----TDNH-----L-----KT-Q-----L-----SPY			
CAMG22	4f	261	-----L-----F-VHH-----L-----T-Q-----L-----L-APY			
CAMG27	4f	262	-----I-----F-EHH-----L-----T-Q-----I-L-----L-APH			
GB549	4g	243	-----I-----DHH-M-L-----T-T-----PL-----APY			
GB438	4h	244	-----Y-----DHH-M-L-----T-V-----IPL-----VPY			
BNL7	4k	30	-----Y-----DHH-----L-----Q-----L-----APY			
BNL8	4k	32	-----Y-----DHH-----L-----T-Q-----L-----APY			
BNL9	4k	34	-----I-----DHH-----L-----V-Q-S-----L-----I-APY			
BNL10	4k	36	-----I-----DHH-----L-----V-Q-----L-----APY			
BNL11	4k	38	-----F-DHH-----L-----K-H-----L-----APY			

50/74

Fig. 4G

BNL12	41	40	-----SDHH--L-----KT--T-----L-----API
GB724	4x	246	--I-----V--TDHH--L-----T--V-----TPV-----AVS
BE95	5a	239	-----DNL--A-----MT--V-----QI-----LSAPS
BE100	5a	263	-----D--L--A-----KD--V-----QI-----LSAPS
HK2	6a	240	--L-----L--DAM--L--L-----VDDR--T--H--V--L--IPN
VN4	7c	44	--L-----ETL--L-----KXX--Q-----QAS--L--VPN
VN12	7d	48	--L-----NGM--L-----KT--LTK--LSAS--L--VQN
FR1	9a	42	--L-----S--N--F--ETM--L-----IKA--E-----LPVS--L--VPN
NE98	10a	52	-M-----S--G-----G--I--L-----S--T-----IPVSX--VKS

51/74

Fig. 4H

Isolate	Type	SEQ ID	V4	V5
HCV-1	1a	229	251	300
HCV-J	1b	230	GKLPATQLRRHIDLVLGSGATLCSALYVGLCGSVFLVGQLETFSPRRHWT	
BNL1	1d	4	SSI-T-TI--V--XX-A--M--S--	YE--
BNL2	1d	8	ASV-TXAI--V--XX-F--M-X--A--	M-H--
FR2	1f	12	ANV-TAAI--V--T-AFR--M--G--	LYH--
HC-J6	2a	231	ANA-IDEV--V--A-VF--M-I--G--	TS--
HC-J8	2b	232	PGALTQG--T--MV-M--G-M-AA-M-IV--QH--F	
CH610	2c	233	RGALTRS--T-V-MI-MA--A--V-A-MILS-A-MV--Q--NF	
S83	2c	254	PGTLTKG--A-V-VI-M--V--ALMIAA-AVIA--Q--TF	
NE92	2d	234	PGALTKG--A--II-M--V--V--ALM-AA-VVWV--QH-TF	
BNL3	2e	16	PGALTKG--T--TIIA--F--I--A-M-AS-V-II--QH-KF	
FR4	2f	18	PGALTKG--AR--AV-M--V--A-MIAA-A-IVA-K--YF	
BNL4	2g	20	PGALTRG--A--TI-M--I--A-MIAA-VAVV--QY-TF	
BNL5	2h	24	PGALTRG--T--TI-MV--I--V-A-MIAA-VVIV--QH-NF	
BNL6	2i	26	PGALTRG--T--TI-A--V--F-A-M--S-F-MI--QH-IF	
FR13	2k	76	PGAXTKG--T--II-A--F--I--V-AIMIAA-VVIV--EH-HF	
HCV-TR	3a	255	VGATTASI-S-V--A-M--M-A--A--R--Q--	
Z4	3b	235	LGVTTASI-T-V-M--ARQ--AF-A--A--R--T--	
GB809-4	4a	256	PGA-LESF--V-M-A--V--GA--M-MI--R--	
Z1	4a	257	MDA-LESF--V-M-A--V--GA--M--Q--	
GB116	4b	258	PNA-LESM--V-M-A--M--F-I--G--D-R--	
GB215	4c	241	VGA-LES--S-V-M-A--V--I--G--M-S-Q--	
GB358	4c	259	IGA-VESF--V-MM-A--V--I--G--M-S-R--	
DK13	4c	260	IGA-LES--S-V-M-A--A--I--G--M-S-Q--	
CAM600	4d	236	LNA-LES--V-M-G--I--V--G--Q--	
GB809-2	4e	237	AGA-LEP--V-M-A--M--I--GL--M--Q--	
CAMG22	4e	238	VGA-LEP--V-M-A--V--GL--M--Q--	
CAMG27	4f	261	LGA-LESM--V-M-T--GI--A--M--R--L--	
GB549	4f	262	IGA-LESM--V-M-T--GI--A--M--R--L--	
GB438	4g	243	VGA-LESM--V-M-A--V--I--G--M--R--	
BNL7	4h	244	LGA-L-SV-Q-V-M-A--V--I--H-G--A--MVS-Q--	
BNL8	4k	30	IGA-LES--S-V-M-A--V--I--X-XGL--M-S-R--	
BNL9	4k	32	IGA-LES--S-V-M-A--V--I--GL--M-S-R--	
BNL10	4k	34	IGA-LES--S-V-M-A--V--I--GA--M-S-R--	
BNL11	4k	36	TAA-LES--S-V-M-A--V--I--X--GL--M-SXQ--	
	4k	38	IGA-LES--S-V-VM-A--V--I--GL--M-S-R--	

52/74

Fig. 4I

BNL12	40	LSA-LMSV--V-M-A--S-----GA-----M-Q----
GB724	246	VDA-LESF--V-M-A--V-----GA-----M-Q----
BE95	239	LGAVTAP--AV-Y-A-G-A-----A-AL-----M-YR-Q-A-
BE100	263	FGAVTAP--AV-Y--G-A-----A-AL-----M-YR-Q-A-
HK2	240	AST--GF--V--A-A-VV-S-I-----L-A-----Q----
VN4	44	AST-V-GF-K-V-IM-A-AF--M-----GL-----LR-M-QV
VN12	48	ASVSIRGV-E-V-----A-AF--M-----GL-----R-MYEI
FRI	42	SSV-IHGF--V-----A-AF--M-I-----II-----R-KY-QV
NE98	52	PCAATAS--T-V-MM-XA-----AL-X-G-SWRH-Q----

53/74

Fig. 4J

Isolate	Type	SEQ ID	V5	319
HCV-1	1a	229	TQGCNCSIYPGHITGRMA	
HCV-J	1b	230	V-D-----VS-----	
BNL1	1d	4	--E-----	
BNL2	1d	8	--E-----	
FR2	1f	12	V-D-----S-----XXX	
HC-J6	2a	231	V-D-----T-----	
HC-J8	2b	232	--E-----Q-----	
CH610	2c	233	V-E-----X-----	
S83	2c	254	V-E-----R-----	
NE92	2d	234	V-D-----	
BNL3	2e	16	V-E-----	
FR4	2f	18	V-E-----X-----	
BNL4	2g	20	S-D-----	
BNL5	2h	24	V-D-----	
FR13	2k	76	V-D-----P-X	
BR36	3a	255	V-T-----L-----	
HCV-TR	3b	235	V-T-----VS-----	
Z4	4a	256	--E-----T-----	
GB809-4	4a	257	--D-----T-----	
Z1	4b	258	--D-----VS-----	
GB116	4c	241	--D-----A-V-----	
GB215	4c	259	--D-----A-----G-----	
GB358	4c	260	--D-----A-V-----	
DK13	4d	236	--D-----T-----	
CAM600	4e	237	--D-----T-----	
GB809	4e	238	--D-----A-----	
CAMG22	4f	261	--E-----T-----	
CAMG27	4f	262	--E-----	
GB549	4g	243	--D-----D-----	
GB438	4h	244	--D-----V-----	
BNL7	4k	30	--D-----	
BNL8	4k	32	A-D-----	
BNL9	4k	34	--D-----	
BNL10	4k	36	--D-----	
BNL11	4k	38	--E-----	
BNL12	4l	40	V-D-----	

54/74

Fig. 4K

GB724	4x	246	--D-----T-----
BE95	5a	239	V-N-----S--V-----
BE100	5a	263	V-D-----S--V--Q----
HK2	6a	240	V-D-----T--V-----
VN4	7c	44	V-E-----T-----
VN12	7d	48	A-D-----A-----
FR1	9a	42	--D-----XNX--V-----
NE98	10a	52	V-D-----

55/74

Fig. 5A NS5B nucleotide alignment

Isolate	Type	SEQ ID	7932	7981
HCV-1	1a	264	CTCCACAGTCACTGAGAGCGACATCCGTACGAGGAGGCAATCTACCAAT	
HCV-J	1b	265	--A-G--AT--T--AT--T--	
BE90	1b	266	N-A--C--A--GTT--T--T--	
BNL1	1d	53	--G--T--AT--GTC--AT--A--	
BNL2	1d	55	--G--T--A--C--RAT--T--	
FR17	1d	57	--G--T--A--T--GTC--AT--G--	
CAM1078	1e	61	--A-G--AGCT--T--A--A--T-C-A--	
FR2	1f	63	N-A--T--T--A--T-C--	
FR16	1g	67	NNNNNN--T--T--GTC--RT--T--	
HC-J6	2a	267	--A-C--A--A-G-T--T-C-A--T-GGG	
HC-J8	2b	268	--A-C--G--AA-A-A--A--AT-C-A--T--GG	
BNL3	2e	69	--G--A--A--T--AA-N--T--T-C-A--GG	
FR4	2f	71	--A-C--A--G--T--AA-A--T--T-C-A--TGG	
BNL5	2h	73	--A--G-G--A--A-G-C--T-C-T--TTG	
FR13	2k	77	A--A--A--A--A--A--AGTT--A--T-CG-T--T-TG	
FR18	2l	79	--A--G--G--A--G--AT--T-C-A--T--TGG	
T1	3a	269	--A-T--ACAG--A-GGT--A--AG--A--	
T9	3b	270	--T-T--ACAT--A-G--AG--A--	
PAK64	3g	81	--T-T--ACAG--T--A-GGTA--A--A--A--	

56/74

Fig. 5B

Isolate	Type	SEQ ID	7932	7981
GB48	4c	271	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-----T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB116	4c	272	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB215	4c	273	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB358	4c	274	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB809	4e	275	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB549	4g	276	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
BNL8	4k	83	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
BNL12	4l	85	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
EG81	4m	87	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
CHR18	5a	277	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
VN13	7a	89	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
VN4	7c	91	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
VN12	7d	93	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
FR1	9a	95	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
NE98	10a	97	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
FR14	11a	99	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
FR15	11a	101	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
FR19	11a	105	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-

57/74

Fig. 5C

Isolate	Type	SEQ ID	7982	8031
HCV-1	1a	264	GTGTGACCTCGACCCCAAGCCGCGTGGCCATCAAGTCCCTCACCGAG	
HCV-J	1b	265	-----T-G-C-----G-----A-GCA-----A-G-----A-----	
BE90	1b	266	-----T-G-C-----G-G-----A-ACA-----A-----G-----A-----	
BNL1	1d	53	-----T-G-C-----G-G-----T-----AA-----A-----G-----	
BNL2	1d	55	-----T-G-C-----Y-G-G-----AA-----A-----G-----	
FR17	1d	57	-C-----T-G-C-----G-G-----AA-----A-----G-----	
CAM1078	1e	61	-C-----GC-----G-----A-T-----A-----TT-G-T-----A-----	
FR2	1f	63	-C-----T-----A-----G-G-T-----AA-----A-G-----A-----	
FR16	1g	67	-C-----G-C-----G-G-T-----A-----A-----G-----T-----	
HC-J6	2a	267	C-----TC-T-GCC-GAGG-G-----A-ACT-----AC-C-A-----G-T-----	
HC-J8	2b	268	C-----TCT-GCCT-AAG-----A-AACT-T-----AC-C-G-----T-----	
BNL3	2e	69	C-----TC-T-ACC-GAG-G-----A-AACT-----AC-C-AT-G-T-----	
FR4	2f	71	CC-CTC-T-ACC-GAG-G-----GACT-----AC-T-AT-G-T-----	
BNL5	2h	73	CC-CTC-T-ACC-GAG-G-----A-CT-----AC-C-A-----A-T-----	
FR13	2k	77	CC-CTCA-TCC-GAGG-G-----GACT-T-----AC-T-G-----T-----	
FR18	2l	79	CC-CTCGT-GCC-GAGG-G-----GACT-T-----AC-T-G-----T-----	
T1	3a	269	-C-----A-----T-----A-GG-G-----A-GAGA-TG-----TCC-----G-----	
T9	3b	270	-C-----T-G-AG-G-----T-GAA-G-----GCG-T-----A-----	
PAK64	3g	81	-----T-G-GG-G-TA-ACG-----A-----A-G-----G-----A-----	

58/74

Fig. 5D

Isolate	Type	SEQ ID	7982	8031
GB48	4C	271	-----G-G-G-G-----AA-A-T-CCG-----A-A-----	
GB116	4C	272	-----G-G-G-G-----AGA-A-T-CCG-----A-A-----	
GB215	4C	273	-----G-G-G-G-----AA-TA-T-CCG-----A-A-----	
GB358	4C	274	-----G-G-G-G-----AA-A-T-CTG-----A-A-----	
GB809	4e	275	-----T-G-G-G-G-G-----AA-TA-AGCCG-----G-----	
GB549	4g	276	-C-C-----G-G-G-G-----AA-TG-ATCCG-----A-G-A-----	
BNL8	4K	83	-----G-G-G-G-----T-AA-TT-T-CCG-----A-A-----	
BNL12	4L	85	-----G-R-G-G-----AAA-A-ATCCG-----A-----	
EG81	4M	87	-----T-G-G-AG-G-----AA-A-ATCCG-----G-----	
CHR18	5a	277	CA-TGT-T-GC-G-TG-G-G-T-----A-ACG-----A-----C-A-----	
VN13	7a	89	-C-A-GT-G-G-GC-A-GACA-----CA-G-T-T-C-----	
VN4	7c	91	-C-CC-A-T-----GGTG-A-AA-T-T-CA-T-G-T-----	
VN12	7d	93	-C-CC-AT-A-T-GGT-A-GAA-T-CA-T-T-T-----	
FR1	9a	95	CC-CC-G-----AG-G-----GAAA-----T-----	
NE98	10a	97	CC-----A-GGA-G-G-TA-GAG-TG-A-CT-A-----G-----	
FR14	11a	99	C-----C-AT-GCCTGAAG-G-----GAAA-----T-A-G-G-A-----	
FR15	11a	101	C-----C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----T-A-A-G-A-----	
FR19	11a	103	C-----C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----A-A-G-A-----	

59/74

Fig. 5E

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
HCV-1	1a	264	AGGCTTTA	AGGCTTTA
HCV-J	1b	265	AGGCTTTA	AGGCTTTA
BE90	1b	266	AGGCTTTA	AGGCTTTA
BNL1	1d	53	AGGCTTTA	AGGCTTTA
BNL2	1d	55	AGGCTTTA	AGGCTTTA
FR17	1d	57	AGGCTTTA	AGGCTTTA
CAM1078	1e	61	AGGCTTTA	AGGCTTTA
FR2	1f	63	AGGCTTTA	AGGCTTTA
FR16	1g	67	AGGCTTTA	AGGCTTTA
HC-J6	2a	267	AGGCTTTA	AGGCTTTA
HC-J8	2b	268	AGGCTTTA	AGGCTTTA
BNL3	2e	69	AGGCTTTA	AGGCTTTA
FR4	2f	71	AGGCTTTA	AGGCTTTA
BNL5	2h	73	AGGCTTTA	AGGCTTTA
FR13	2k	77	AGGCTTTA	AGGCTTTA
FR18	2l	79	AGGCTTTA	AGGCTTTA
T1	3a	269	AGGCTTTA	AGGCTTTA
T9	3b	270	AGGCTTTA	AGGCTTTA
PAK64	3g	81	AGGCTTTA	AGGCTTTA

60/74

Fig. 5F

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
GB48	4c	271	--A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTG----	
GB116	4c	272	--A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC--A--CCTG----	
GB215	4c	273	--A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--AGC-AA--A--CCTG----	
GB358	4c	274	--A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTG-T--	
GB809	4e	275	--A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTT----	
GB549	4g	276	--A--C--C--G--C--T--CA-GTA--C--C-A--CCTA----	
BNL8	4k	83	--R--C--C--G--C--T--CA-GCA--CAGC-A--A--CCTT-T--	
BNL12	4l	85	--R--C--CT-G--C--T--CA-GTAT--CAGC-AA--CT----	
EG81	4m	87	--A--C--C--G--C--T--CA-GTTT--CAGC-A--A--CCTA-T--	
CHR18	5a	277	C-C-G-CTG--A--CA-GTAT--CAGC-A--C-AC-A-T--	
VN13	7a	89	C-AT-G-CTNC-T--T--CA-GTNT--C--T-AA--TC--GCA-T--	
VN4	7c	91	C--G--CTGC--W--G--CA-G-TG--C--CC-T--TC-ATCA-T--	
VN12	7d	93	C--G--CTGC--C--CA-GTA--C--TC-A--TC--TCA-T--	
FR1	9a	95	-----C-----A-GTA--C--A--CC-ACT--T--	
NE98	10a	97	C-----CTG--T--T--A-GTT--CAGC-A--AC-AC--	
FR14	11a	99	--A--A--C--G--C--GA-GGAA--CAGC-A--CC-GCT----	
FR15	11a	101	--A--A--C--G--C--GA-GGAA--CAGC-AA--CC-GC----	
FR19	11a	105	--A--A--C--G--C--GA-GGAA--CAGC-A--CC-GC----	

61/74

Fig. 5G

Isolate	Type	SEQ ID	8082	8131
HCV-1	1a	264	CTATCGAGTGCCGGCGGACGGCGTACTGCAACTAGCTGTGTAACA	
HCV-J	1b	265	T-----C-----A-T-----G-----G-----C-C-----	
BE90	1b	266	-----C-A-----A-----G-----G-C-----C-----T-----	
BNL1	1d	53	-----C-TC-----C-----G-----T-----C-----C-----	
BNL2	1d	55	-----TC-----T-----G-----C-----C-----C-----	
FR17	1d	57	-----C-TC-----C-----G-----T-----C-----C-----T-----	
CAM1078	1e	61	-----A-----T-C-----CT-----C-----C-----C-----	
FR2	1f	63	-----C-C-A-----T-A-----C-----G-----C-----C-----	
FR16	1g	67	-----C-----T-----T-----G-----T-----C-----C-----	
HC-J6	2a	267	G-CA-GC-T-----C-----G-G-T-C-----ATG-G-----	
HC-J8	2b	268	-----CA-GC-T-----A-----T-TC-C-C-C-----ATG-G-T-----	
BNL3	2e	69	A-CA-GCAT-----C-----A-G-C-C-C-----TATG-G-T-----	
FR4	2f	71	A-CA-GC-T-----T-----A-G-C-C-C-----TATG-G-----	
BNL5	2h	73	T-CA-AC-T-----C-----A-G-C-C-C-----ATG-G-T-----	
FR13	2k	77	A-CA-GC-C-----C-----G-G-C-C-----ATG-G-T-----	
FR18	2l	79	A-CA-GC-T-T-----C-----G-GT-C-C-----ATG-C-T-----	
T1	3a	269	T-----C-----T-C-T-A-C-----C-T-C-----TC-C-----	
T9	3b	270	-----C-C-----C-----CT-C-T-C-----TC-C-T-----	
PAK64	3g	81	A-----C-T-----T-T-----T-T-C-C-----AC-----T-----	

62/74

Fig. 5H

Isolate	Type	SEQ ID	8082	8131
GB48	4C	271	G	G
GB116	4C	272	G	G
GB215	4C	273	G	G
GB358	4C	274	G	G
GB809	4e	275	G	G
GB549	4g	276	G	G
BNL8	4k	83	G	G
BNL12	4l	85	G	G
EG81	4m	87	G	G
CHR18	5a	277	T	T
VNI3	7a	89	A	A
VNI4	7c	91	A	A
VNI2	7d	93	G	G
FR1	9a	95	TC	TC
NE98	10a	97	T	T
FR14	11a	99	A	A
FR15	11a	101	A	A
FR19	11a	105	A	A

GB48	4C	271	G	G	A	T	A	CTAC	C	C	TC	G	8082	8131
GB116	4C	272	G	G	A	T	A	CTAC	C	C	TC	G		
GB215	4C	273	G	G	A	T	A	CTAC	C	C	TC	G		
GB358	4C	274	G	G	A	T	A	CTAC	C	C	TC	G		
GB809	4e	275	G	G	T	A	A	TAC	C	C	TC	G		
GB549	4g	276	GC	A	G	A	A	G	CTAC	C	C	TC	G	
BNL8	4k	83	G	G	G	A	A	CTAC	C	C	TC	A		
BNL12	4l	85	G	G	G	A	A	GTAC	C	A	T	TC	G	
EG81	4m	87	G	G	G	A	A	CTAC	C	C	TC	A		
CHR18	5a	277	T	T	T	A	C	CT	C	C	TATG	C		
VNI3	7a	89	A	C	T	A	G	C	T	C	C	TC	TC	G
VNI4	7c	91	A	C	T	A	C	T	G	C	C	G	TG	C
VNI2	7d	93	G	C	T	A	G	T	T	CT	C	C	TC	C
FR1	9a	95	TC	A	C	A	A	A	CC	C	A	ATG		
NE98	10a	97	T	C	C	C	T	T	G	G	AC	C	TC	G
FR14	11a	99	A	A	GC	T	A	A	G	T	C	C	TG	G
FR15	11a	101	A	A	GC	T	A	A	G	T	C	C	TG	G
FR19	11a	105	A	CA	GC	T	A	A	G	T	C	C	TG	G

63/74

Fig. 5I

Isolate	Type	SEQ ID	8132	8181
HCV-1	1a	264	CCCTCACTTGCTACATCAAGCCCGGGCAGCCTGTCGAGCCGAGGGCTC	
HCV-J	1b	265	-----A-T---T-G-----ACT-G-----T---AA---	
BE90	1b	266	---T-A-T---C-A-----TCT-----T---AA---	
BNL1	1d	53	---G-A-----T-G-A---A-A-G-----T---AA---	
BNL2	1d	55	---A-----T-G-A---A-A-G-----T---AA---	
FR17	1d	57	---A-T---T-G-A---A-A-G-----T---GAA---	
CAM1078	1e	61	---C-----T-----TA-----A---T---CAA---	
FR2	1f	63	---C-T---A---A-----T---GAA---	
FR16	1g	67	---A-----C-G-A---GCC-G-----T---AA---	
HC-J6	2a	267	---A-----TG-G-A---TTA-G-----AAG-T-----A-A	
HC-J8	2b	268	---A-G-A-T-----A---TT---G---AAG-T-----A-	
BNL3	2e	69	---A---G-----TA-G-T---AA---A---AA-A	
FR4	2f	71	---A---G-T---TG-G-A---TC---T---AA---T---G---CA-T	
BNL5	2h	73	---A---A---TG-G-----ATTA-T---CAA-T---CA-	
FR13	2k	77	---T---A---TG-G---A---AT---T---CA---G---CA-T	
FR18	2l	79	---A---G---TG-G-A---AT---T---CA---T---C---A-T	
T1	3a	269	---AA-----T-----ACA-G---TGGGAAG-----C---	
T9	3b	270	---AA-A---C---T-----ACT-----A-CA-G-T---G-T---	
PAK64	3g	81	---AA---C-----A-A-G-TGC-----T---G---C---T	

64/74

Fig. 5J

Isolate	Type	SEQ ID	
GB48	4c	271	8132
GB116	4c	272	-A-G-G-C-A-TCA-C-TATCAA-G-G-G
GB215	4c	273	-A-G-G-TTCA-C-TATCA-G-G-G
GB358	4c	274	-A-G-G-TTCA-C-ATCA-G-GT-G
GB809	4e	275	-AA-G-G-C-T-TCA-ATCA-G-T-G-A
GB549	4g	276	-TG-A-G-T-TTCA-TAT-A-G-T-G
BNL12	4k	83	-A-G-G-C-A-TCA-T-TAT-A-G-G
BNL12	4l	85	-AG-G-C-TTCA-T-TAT-A-G-G
EG81	4m	87	-A-G-G-C-TTCA-T-TAT-A-G-G
CHR18	5a	277	-A-G-G-TTCA-T-TAT-A-G-G
VN13	7a	89	-A-G-G-TTCA-T-TAT-A-G-G
VN4	7c	91	-A-G-G-TTCA-T-TAT-A-G-G
VN12	7d	93	-A-G-G-TTCA-T-TAT-A-G-G
FR1	9a	95	-A-G-G-TTCA-T-TAT-A-G-G
NE98	10a	97	-AA-C-T-TTCA-T-TAT-A-G-G
FR14	11a	99	-A-G-TTCA-T-TAT-A-G-G
FR15	11a	101	-A-G-TTCA-T-TAT-A-G-G
FR19	11a	105	-A-G-TTCA-T-TAT-A-G-G

8181

65/74

Fig. 5K

Isolate	Type	SEQ ID	8182	8231
HCV-1	1a	264	CAGGACTGCACCATGCTCGTGTGTGGCGACGACTTAGTCGTTATCTGTGA	
HCV-J	1b	265	-----G-----AAC-A-----C-T-----	
BE90	1b	266	-----G-----C-G-----C-T-----	
BNL1	1d	53	-G-----C-G-T-----C-T-----	
BNL2	1d	55	-G-----C-A-----C-T-----	
FR17	1d	57	-----A-----C-A-----C-T-----	
CAM1078	1e	61	-----C-----C-G-----G-----C-----	
FR2	1f	63	-----T-----C-----C-T-----C-----	
FR16	1g	67	-G--A-----A-----C-----C-----C-----	
HC-J6	2a	267	ATT-CGCC--A--G-A-C--T--G-T-C--CA--	
HC-J8	2b	268	GT--CCTGTT--T-G--A--C-G--C--CA--	
BNL3	2e	69	GT-C-CC--G--C--C--T--C--T-C--CA--	
FR4	2f	71	GTT-C-CC--G--G--T--T--C-G-T-C--CA--	
BNL5	2h	73	GTT-CTCC--G--G--T--TC-G-A-C--CA--	
FR13	2k	77	GTT-CACC--A--G--T--C-G--C--CA--	
FR18	2l	79	G-C-C-CC--A--T-G-A--C-G-G-C--CA--	
T1	3a	269	-G-A--CCGGA-T-T--T--C--C-A--T--TC-G--AG-GGC--	
T9	3b	270	A-A--CCAT-TT-C-T--C-C-A--T--G-G--G-A-C--	
PAK64	3g	81	--A--CCAT-AT-C-T--C-C-A--T--T--G-G--AG-GGC--	

Fig. 5L

Isolate	Type	SEQ ID	8182	8231
GB48	4C	271	AGA-----T-G-C-----T-T-----C-G-T-C-----GC--	
GB116	4C	272	AGA-----T-G-C-----T-T-----C-G-----C-TGC--	
GB215	4C	273	AGA-----T-----G-C-A-----T-----C-G-----C-TGCC--	
GB358	4C	274	AGA-----T-G-C-----T-T-----C-G-----C-----GCC--	
GB809	4e	275	A-----T-----G-T-C-----T-----C-----G-----GCC--	
GB549	4g	276	A-A-GT-----G-----G-T-----A-----C-----C-----C--	
BNL8	4k	83	AGA-----G-T-C-----T-----G-----C-----C-----GCC--	
BNL12	4l	85	A-A-----G-C-C-----T-----G-----C-----C-----GCC--	
EG81	4m	87	A-----T-----G-T-C-----G-----C-G-----C-----GCA--	
CHR18	5a	277	-----GC-C-G-----T-T-----TC-T-G-CC-T-C-----	
VN13	7a	89	A-----TTGA-----T-G-C-C-A-----C-T-----T-CG--	
VN4	7c	91	A-AA-----ATGA-----T-A-C-C-A-----TC-----GCG--	
VN12	7d	93	A-AA-----TTGA-----T-G-C-C-A-----C-----TGC--	
FR1	9a	95	ACA-----T-ATGA-----T-G-C-C-A-----T-----G-T-CG-AAC--	
NE98	10a	97	A-AA-TCCAT-AT-C-T-C-C-A-T-----G-----G-TGC--	
FR14	11a	99	GTA-----CCGGTG-----C-T-----C-----G-C-----CA--	
FR15	11a	101	GTT-----CCGGTG-----C-----C-----C-----G-C-----CA--	
FR19	11a	105	GTT-----CCAGTG-----C-----C-----C-----G-C-----CA--	

67/74

Fig. 5M

Isolate	Type	SEQ ID	8232	8271
HCV-1	1a	264	AAGCGGGGGTCCAGGAGGACGCGGCGAGCCTGAGAGCC	
HCV-J	1b	265	G--T--AAC--T--GC--AC--	
BE90	1b	266	-----AAC--A-----AC--T--	
BNL1	1d	53	G--T--A--G--A--A--AC--T--	
BNL2	1d	55	G-----A--G-----A--AC--T--	
FR17	1d	57	G--T--R--A--G--T--A--AC--T--	
CAM1078	1e	61	G--T--TA--AC--T-----C-----	
FR2	1f	63	G--T--A--N-----TC--T--	
FR16	1g	67	G--T-----T--T--A-----	
HC-J6	2a	267	G--CA--AC--G-----A--CG--A-----	
HC-J8	2b	268	G--CAA--TAA--G-----A--CGA--A-----T	
BNL3	2e	69	G--TCA--A--G-----ACCG--A-----	
FR4	2f	71	G--TCA-----CTG-----A--CGA--A-----T	
BNL5	2h	73	G--TCA--AAC--G-----T--A--CG--A-----T	
FR13	2k	77	G--TCA--ACTG--AG-----A--AAC--A-----C--T	
FR18	2l	79	G--TCA--AC--G-----A--CGA--AT-----T	
T1	3a	269	G-----AT--C--G--T-----TAGA--AGC-----	
T9	3b	270	---TGC--C--G-----AGA--AGCT--C-----	
PAK64	3g	81	G--TTGC--KC--TG--T-----G--ATAG--GCAGC	

68/74

Fig. 5N

Isolate	Type	SEQ ID	8232	8271
GB48	4c	271	G---AT--C--AG-----AAACGACC---CG-----	
GB116	4c	272	---AT--C--AG-----AAACGAGC---CG-----	
GB215	4c	273	G---AT--C--AG-----AAACGAGC---CG---T-	
GB358	4c	274	G---AT--C--TG-----AAACGAGC---CG-----	
GB809	4e	275	G---GT--C--TG-----AAACGANC---CG---T-	
GB549	4g	276	G---GC--C--AG-----T--AAGAGC---CC-----	
BNL8	4k	83	G---AT--C--AG-----TAACCGAGC---CCN-----	
BNL12	4l	85	G---A--C--AG-----TT-CCAACC---CC-----	
EG81	4m	87	G---AT--C--GG-C-----CGCCGAGC---CCA---T	
CHR18	5a	277	G---CA---ACG-C-----TAAA-----	
VN13	7a	89	G---TTT-----TC-----A-TAGTGCA---C---T	
VN4	7c	91	G-T-GA-A---TCT-----T-TT-ACGC---C---A	
VN12	7d	93	G---GA-A---CT-----T--C-G-GC---C---T-	
FR1	9a	95	G-T-T-A---A-C-----TATC--T-A---C-----	
NE98	10a	97	G-T-A---A-G-T-----AA-AGCGC-T-----T	
FR14	11a	99	---AA-----GG-----CA-CG-GA---AC---T-	
FR15	11a	101	G---AA-----AG-----CA-CGAGA---AC	
FR19	11a	105	---AA-----GG-----CAACGAGA---AC---NT-	

69/74

Fig. 6A NS5B amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	2645	2694
HCV-1	1a	278	STVTESDIRTEEA	YQCCLDPQARVAIKSLTERLYVGGPLNSRG
HCV-J	1b	279	-----N-----	S-----A-E-Q-R-----K-Q-----
2TV4	1c	280	-----N-----	S-----H-D-A-N-----K-----
BNL1	1d	54	-----N-----	V-S-----A-E-K-----I-X-----K-Q-----
BNL2	1d	56	-----N-----	XS-----AXE-K-----K-Q-----
FR17	1d	58	-----N-----	V-S-----A-E-K-----I-----K-Q-----
CAM1078	1e	62	-----A-----	S-----H-E-----K-----
FR2	1f	64	-----S-----	S-----E-K-R-----I-----K-Q-----
FR16	1g	68	XX-----V-XS-----	A-E-----I-----K-Q-----
HC-J6	2a	281	-----R-----	S-RA-S-PEE-HT-H-----MF-K-QT-----
HC-J8	2b	282	-----R-----	S-A-S-PQE-TV-H-----M-K-QS-----
ARG8	2c	283	-----R-----	S-S-PEE-T-H-----M-K-QS-----
NE92	2d	284	-----R-----	S-LA-S-PE-T-H-----ML-K-QT-----
BNL3	2e	70	-----R-X-----	S-A-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
FR4	2f	72	-----R-----	S-LA-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
BNL5	2h	74	-----A-R-----	S-LA-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
FR13	2k	78	-----R-----	V-SV-LS-S-PEE-A-H-----MQ-K-QS-----
FR18	2l	80	-----R-----	N-S-FLA-S-PEE-TV-H-----I-MM-K-QS-----
BR34	3a	285	-----C-----	MF-K-AQ-----
BR36	3a	286	-----C-----	MF-K-AQ-----
BR33	3a	287	-----C-----	MF-K-AQ-----
T9	3b	288	-----H-----	E-E-E-K-SA-----I-MY-K-LQ-----
PAK64	3g	82	-----Q-V-E-----	E-E-R-----MF-K-LK-----

70/74

Fig. 6B

GB48	4C	289	---K---V-EV-----E-E-K-TA-----MH-K-DL---
GB116	4C	290	---K---V-EV-----E-E-R-TA-----MH---DL---
GB215	4C	291	---K---V-EV-----E-E-KV-TA-----MH-K-DL---
GB358	4C	292	---K---V-EV-----E-E-K-TA-----MH-K-DL---
GB809	4e	293	---R-KV-EV-----E-E-KV-AA-----MH-K-DL---
CAMG22	4f	294	---R---V-EV-----E-ET-KV-SA-----MH---DL---
GB549	4g	295	---R---E-----E-E-KV-SA-----MY-K-DL---
GB438	4h	296	---R---V-E-----E-E-KV-SA-----K---MY-K-DL---
CAR4/120541	4i	297	P---R-X-V-EV-----N-EXDX-KV-NA-----MH-K-DL---
CAR1/501	4j	298	---X-R---GEV-----E-E-KV-TA-----MF-K-DL---
EG13	4?	299	V---N-E-E-K-TA-----MH-K-DL---
BNL8	4k	84	---K---P-EV-----E-E-KV-TA-----MH-K-DL---
BNL12	4l	86	---K---V-E-----X-E-K-SA-X-L---MY-K-L---
EG81	4m	88	---R---V-EV-----E-E-K-SA-----MF-K-DL---
BE95	5a	300	---H-M---S---S---Q-E-A-R-Q---C---MY-K-QQ---
CHR18	5a	301	---H-M---S---SLY-Q-E---R-Q---C---MY-K-QQ---
VN13	7a	90	---R-VQ---HD---K-E-A-T-T-D---X---MX-K-QA---
VN4	7c	92	---R-X---HD---Q---V-K-T---CX-MM---QS---
VN12	7d	94	S---R---HD---Q---V-K-T---C---MY---QS---
FR1	9a	96	---GR---XD-LS-Q---E-K---MY-K-QL---
NE98	10a	98	---Q---V-LS-F-A---KDE-RV-T---C---MF-K-QH---
FR14	11a	100	---R---S-LS-Q-PEE-K---ME-K-QA---
FR15	11a	102	---R---S-XXA-Q-PEE-K---ME-K-QA---
FR19	11a	106	---R---SX-LA-Q-PEE-K---ME-K-QA---

71/74

Fig. 6C

Isolate	Type	SEQ ID	2695	2744
HCV-1	1a	278	YRRCRASGVLTTSCGNTLTCTYIKARAACRAAGLQDCTMLVCGDDL	VVICE
HCV-J	1b	279	-----L-T-----K-----N-----	-----
2TY4	1c	280	-----L-----R-----	-----
BNL1	1d	54	-----L-----K-R-----	-----
BNL2	1d	56	-----L-----K-----	-----
FR17	1d	58	-----L-----K-----	-----
CAM1078	1e	62	-----L-----K-----	-----
FR2	1f	64	-----K-----S-----	-----
FR16	1g	68	-----L-A-----K-RE-----	-----
HC-J6	2a	281	-----M-I-V-L-K-IIAP-----	S-----
HC-J8	2b	282	-----F-M-M-----L-K-IV-PV-----	S-----
ARG8	2c	283	-----A-M-----V-----N-IVAP-----	-----S-----
NE92	2d	284	-----F-M-I-V-Q-K-IIAP-----	-----S-----
BNL3	2e	70	-----H-----M-I-----L-K-IVAP-----	S-----
FR4	2f	72	-----M-I-V-L-K-IVAP-----	S-----
BNL5	2h	74	-----M-I-V-L-K-IVAP-----	I-S-----
FR13	2k	78	-----M-M-----L-Q-----IVAP-----	S-----
FR18	2l	80	-----F-M-I-V-M-----IDAP-----	S-----
BR34	3a	285	-----P-F-I-----T-A-----RNPDF-----	VA-----
BR36	3a	286	-----P-F-I-----T-AK-----RSPDF-----	VA-----
BR33	3a	287	-----P-F-I-----T-AK-----RNPDF-----	VA-----
T9	3b	288	-----P-F-I-----K-S-----K-PSF-----	VS-----
PAK64	3g	82	-----P-Y-I-----A-----PSF-----	VA-----

72/74

Fig. 6D

GB48	4C	289	Y--F--L-S-IK--R--A-
GB116	4C	290	Y--F--L-S-I--R--A-
GB215	4C	291	Y--F--L-S-I-S-R--Y--A-
GB358	4C	292	Y--F--L-S-I--R--A-
GB809	4e	293	Y--F--M--L-S-I--K--A-
CAMG22	4f	294	Y--F--FL-T-TK--K--A-
GB549	4g	295	Q--Y--F--V--L-V-T--KG-S--
GB438	4h	296	L--Y--F--V--L-T-T--K--A-
CAR4/120541	4i	297	I--Y--F--L-T-T--K--A-
CAR1/501 4j	4j	298	Q--F--F--L-T-T--K--S--
EG13	4?	299	Y--F--L-T-T--R--
BNL8	4k	84	Y--F--L-S-I--R--A-
BNL12	4l	86	Y--F--V--L-T-T--K--A-
EG81	4m	88	Y--F--L-T-T--K--A-
BE95	5a	300	F--M--M--L-S--R-R--L--A-
CHR18	5a	301	F--M--M--L-S--K--L--A-
VN13	7a	90	Y--F--L-Q--K-FD--S--
VN4	7c	92	Y--F--L-Q--K-KNYD--A-
VN12	7d	94	Y--F--L-Q--XK-KNFD--A-
FR1	9a	96	Q--P--M--I-FL-T--FT-YD--VT--
NE98	10a	98	Y--F--I--K--TK--IKNPSF--A-
FR14	11a	100	Y--F--L-M--K--K--IV-PV--S--
FR15	11a	102	Y--F--L-M--X--KX--IV-PV--S--
FR19	11a	106	Y--F--L-M--K--K--IV-PV--S--

73/74

Fig. 6E

Isolate	Type	SEQ ID	2745	2757
HCV-1	1a	278	SAGVQEDAA	SLRA
HCV-J	1b	279	---	T---A---
BE90	1b	302	---	T---V
BNL1	1d	54	---	E---N---
BNL2	1d	56	---	E---N---V
FR17	1d	58	---	X---N---V
CAM1078	1e	62	---	V---T---
FR2	1f	64	IE-XX	-PS
FR16	1g	68	---	---
HC-J6	2a	281	-Q-TE	-ERN---
HC-J8	2b	282	-Q-NE	-ERN---
NE92	2d	284	-Q-TE	-ERN---
BNL3	2e	70	-Q-E	-DRN-
FR4	2f	72	-Q-AE	-ERN--V
BNL5	2h	74	-Q-TE	-ERN--V
FR13	2k	78	-Q-TER	-ENN--P
FR18	2l	80	-Q-TE	-ERN--V
BR34	3a	285	---	---
BR36	3a	286	---	---
BR33	3a	287	---	---
T9	3b	288	-C--E	--R-A---
PAK64	3g	82	-CX-D	-EDRAALR

74/74

Fig. 6F

GB48	4C	289	-D--E--KRP-G-
GB116	4C	290	-D--E--KRA-G-
GB215	4C	291	-D--E--KRA-GV
GB358	4C	292	-D--E--KRA-G-
GB809	4e	293	-G--E--KRX-G-
CAMG22	4f	294	-D--E--RRA-G-
GB549	4g	295	-G--E--RA--
GB438	4h	296	-G--E--RA--
CAR4/12054i	297	297	-I-ID--KQA--T
CAR1/501 4j	298	298	---E--PXTX-P
BNL8	4k	84	-D--E--NRA-X-
BNL12	4l	86	-E--E--SQP--
EG81	4m	88	-D--D--RRA-Q-
BE95	5a	300	-Q-TH--E----
CHR18	5a	301	-Q-TH--K----
VN13	7a	90	-L--S--TSA--
VN4	7c	92	-G--S--VDA--
VN12	7d	94	-G--P--GA--V
FR1	9a	96	---N--I--N----
NE98	10a	98	---ID--KSA--
FR14	11a	100	-K--E--QRD--V
FR15	11a	102	-K--E--QRD-
FR19	11a	106	-K--E--QRD--